

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES  
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum  
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum  
25. Mai 2001 (25.05.2001)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer  
**WO 01/36614 A2**

(51) Internationale Patentklassifikation<sup>7</sup>: C12N 15/00

9. 82319 Starnberg (DE). GRAF, Marcus [DE/DE];  
Spiegelgasse 3 b, 93047 Regensburg (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE00/04073

(74) Anwälte: BETTENHAUSEN, Berthold usw.; Dehmel &  
Bettenhausen, Müllerstrasse 1, 80469 München (DE).

(22) Internationales Anmeldedatum:

16. November 2000 (16.11.2000)

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT,  
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU,  
CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,  
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,  
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,  
MZ, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL,  
TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(25) Einreichungssprache:

Deutsch

(84) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH,  
GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW),  
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,  
TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK,  
ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, TR),  
OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML,  
MR, NE, SN, TD, TG).

(30) Angaben zur Priorität:  
199 55 089.1 16. November 1999 (16.11.1999) DE

Veröffentlicht:

— Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu  
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme  
von US): GENEART GMBH GESSELLSCHAFT  
FÜR ANGEWANDTE BIOTECHNOLOGIE [DE/DE];  
Ahornstrasse 12, 93080 Pentling (DE).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes, und der anderen  
Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on  
Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe  
der PCT-Gazette verwiesen.

(71) Anmelder und

(72) Erfinder: SHAO, Yiming [CN/CN]; 27 Nan Wie Avenue,  
Beijing Xuan Wu Qu 1000050 (CN).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): WAGNER, Ralf  
[DE/DE]; Franz-von-Taxis-Ring 59, 93949 Regensburg  
(DE). WOLF, Hans [DE/DE]; Josef Jägerhuberstrasse

(54) Title: THE GENOME OF THE HIV-1 INTER-SUBTYPE (C/B') AND USE THEREOF

(54) Bezeichnung: DAS GENOM DES HTV-1 INTERSUBTYP (C/B') UND SEINE ANWENDUNGEN

(57) Abstract: The invention relates to a polynucleotide, comprising a nucleic acid sequence according to SEQ ID NO:1, 2 or 3, fragments or derivatives thereof, or a polynucleotide hybridised with the nucleic acid sequence according to SEQ ID NO:1, 2 or 3. The invention further relates to polypeptides coded from said nucleotide sequence, or fragment, or derivative of the nucleic acid sequence according to SEQ ID NO:1, 2 or 3. The polynucleotides and polypeptides may be used as medicaments, vaccines or diagnostics, in particular for the treatment, prophylaxis and diagnosis of HTV infections.

WO 01/36614 A2

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Polynukleotid, umfassend eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 oder dessen Fragment oder Derivat, oder ein Polynukleotid, das mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 1, 2 oder 3 hybridisiert. Die vorliegende Erfindung betrifft ferner Polypeptide, kodiert von der Nukleotidsequenz oder Fragment oder Derivat der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO: 1, 2 oder 3. Die Polynukleotide und Polypeptide können als Arzneimittel, Impfstoffe oder Diagnostika, insbesondere für die Behandlung, Prävention und Diagnose von HTV-Infektionen, verwendet werden.

## Das Genom des HIV-1 Intersubtyps (C/B') und seine Anwendungen

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Polynukleotid, umfassend eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 oder dessen Fragment oder Derivat, oder ein Polynukleotid, das mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 hybridisiert. Die vorliegende Erfindung betrifft ferner Polypeptide, kodiert von der Nukleotidsequenz oder Fragment oder Derivat der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3. Die Polynukleotide und Polypeptide können als Arzneimittel, Impfstoffe oder Diagnostika, insbesondere für die Behandlung, Prävention und Diagnose von HIV-Infektionen, verwendet werden.

15

In Anbetracht des Ausmaßes und der globalen Verbreitung der durch das humane Immunodefizienz Virus (HIV) verursachten Pandemie mit einer, bis zum Ende dieses Jahrhunderts, geschätzten Anzahl von weltweit mehr als 40 Millionen Infizierten (davon mehr als 90% in Entwicklungsländern) stellt die Entwicklung einer wirksamen HIV-Vakzine eine der größten Herausforderungen an die moderne industrialisierte Welt dar. Bislang wird die Entwicklung eines erfolgreichen HIV-Impfstoffs jedoch noch immer durch die komplizierte Biologie des Virus sowie seine komplexe Interaktion mit dem Immunsystem des Wirtes limitiert. Die wenigen Impfstoff-Kandidaten, die bis zum heutigen Zeitpunkt in Entwicklungsländern in Phase 3-Studien ausgetestet wurden, basierten hauptsächlich auf den externen Gykoproteinen gp120 oder gp160 von HIV Typ-1. Der Ausgang der Studien war jedoch eher enttäuschend: Die Impfstoffe waren nicht nur nicht in der Lage, breit kreuz-neutralisierende Antikörper- und T-Zell-Reaktionen hervorzurufen. Sie konnten nicht einmal Infektionsdurchbrüche verhindern, die bei einigen Impflingen beobachtet worden sind. Einer der Gründe für dieses Versagen liegt sicherlich in den extensiven Sequenzvariationen zwischen den verwendeten Antigenen, welche von laboradaptierten Virusstämmen abstammten, und den genetisch divergenten Viren, welche in den Testregionen (z.B. Thailand) kursierten.

Phylogenetische Analysen der weltweit zirkulierenden HIV-Stämme haben eine Hauptgruppe (M) mit 10 verschiedenen Sequenz-Subtypen (A-J) (Kostrikis *et al.* 1995; Leitner und Albert,

- 1995; Gaywee *et al.* 1996; World Health Organisation Network for HIV Isolation and Characterization, 1994), die im Hüllprotein Sequenzvariationen von bis zu 24 % aufweisen, und außerdem die Viren der O-Gruppe identifiziert, die sich in einigen Leserahmen um mehr als 40 % von den Viren der M-Gruppe unterscheiden (Loussert Ajaka *et al.* 1995; Myers *et al.* 1996; Sharp *et al.* 1995; Sharp *et al.* 1999). Zudem entwickelt sich HIV durch die rasche Anhäufung von Mutationen und Intersubtyp-Rekombinationen immer weiter. Unterschiedliche Subtypen, welche innerhalb der Population einer geographischen Region kozirkulieren, stellen die molekulare Grundlage für die Erzeugung und Ausbreitung von gruppenübergreifenden Intersubtyp-Mosaikviren dar. Obwohl die weltweit verbreiteten HIV-1-Varianten durch Serologie und Heteroduplex-DNA-Analysen intensiv untersucht wurden, beruhen die meisten phylogenetischen Analysen auf Sequenzen des Hüllproteins, da für viele der prävalenten Subtypen und eine Vielzahl von rekombinanten Formen keine vollsequenzierten Genome vorliegen.
- 15 Für die überwiegende Mehrheit der weltweit neuen HIV-1-Infektionen sind Viren des Subtyps Non-B (also *Nicht-B*-Varianten) verantwortlich. Den Viren des Subtyps C fällt dabei im Hinblick auf die Gesamtzahl von Infizierten sowie der weiten Verbreitung von Neu-Infektionen, insbesondere in Süd-Amerika und Asien, eine herausragende Rolle zu. Auf Grund dessen hat die Charakterisierung von Viren des Subtyps C eine herausragende Priorität für diagnostische, 20 therapeutische oder präventive Zwecke.

Mit Ausnahme von Thailand lagen bis vor kurzem nur begrenzte Informationen über die Verteilung und molekulare Charakteristik von in Asien vorkommenden HIV-1-Stämmen vor. Nach Schätzungen der WHO breite sich HIV am schnellsten in Süd- und Südost-Asien aus, 25 welche schon bald die weltweit größte Region mit HIV-Epidemie sein wird. China unterliegt ähnlichen sozialen und ökonomischen Strukturen und unterhält zu diesen Regionen unmittelbare ethnische und wirtschaftliche Verbindungen. In vielen Provinzen Chinas konnte seit Anfang 1995 ein rasanter Anstieg von HIV-Infektionen beobachtet werden. Verglichen mit allen von 1985 bis 1994 dokumentierten 1774 Fällen an HIV und AIDS, wurden im Jahr 1995 alleine 30 schon 1421 Fälle und im Jahr 1997 mehr als 4000 Fälle nachgewiesen. Die WHO geht von mehr als 400.000 HIV-Infektionen in China bis Ende 1997 aus, mit bis dahin 6400 Todesfällen und einer geschätzten Anzahl von 4000 Todesfällen allein im Jahre 1997. Im kürzlich

veröffentlichten nationalen HIV-Molekularepidemiologischen Bericht wurde gefunden, daß die Thai-Stämme des Prototyp-Subtyps B und des Subtyps B' in Yunnan, einer Provinz im Südwesten von China, die angrenzt an das Drogendreieck von Myanmar, Laos und Thailand (Graf et al. 1998), durch Benutzer von Drogen und durch Sammelstellen für kontaminiertes Blut und Plasma bis nach Zentral- und Ost-China verbreitet wurden. In den frühen 90er Jahren wurde dann in die gleiche Region eine zweite Epidemie eingeschleppt, sehr wahrscheinlich durch mit Stämmen des Subtyps C infizierte indische IDUs (intravenous drug user), also Menschen aus Indien, die Drogen intravenös verwenden (Luo et al. 1995; Shao et al. 1999). Innerhalb weniger Jahre verbreiteten sich die Viren des Subtyps C durch Drogenschmuggel schnell in Süd-, Zentral- und sogar in Nordwest-China und verursachten eine weitere Verbreitung der Epidemie innerhalb Chinas. Einem kürzlich veröffentlichten nationalen HIV-Molekularepidemiologischen Untersuchungsbericht zufolge sind fast alle mit Viren des Subtyps C infizierten Personen IDUs und machen damit etwa 40% aller HIV-infizierten IDUs in China aus. Das legt nahe, daß die Viren des Subtyps C zu den wichtigsten Subtypen von HIV-1 zählen, die unter IDUs in China prävalent sind (Shao et al. 1998, Shao et al. 1994).

Dies legt nahe, daß sich die HIV-Epidemie unter den IDUs in China innerhalb weniger Jahre von einem einzelnen vorherrschenden Subtyp (B) auf mindestens 2 vorherrschende Subtypen, B-Thai und C, ausgeweitet hat, was die Möglichkeit der Intersubtyp-Rekombination erhöht. Nach 20 unserem bisherigen Kenntnisstand über Variabilität und Antigenizität unterschiedlicher Virus-Stämme sollten Diagnostika, Therapeutika und Impfstoffe auf regionale Virus-Stämme angepasst sein. Die Anzahl molekularer Reagenzien für Viren des *Nicht-B-Subtyps* sind jedoch noch extrem limitiert. Außer für Viren des Subtyps B oder C sind bislang nur wenige nicht-rekombinante molekulare Klone und wenige Mosaikgenome verfügbar. Was HI-1-Viren des 25 Subtyps C betrifft, sind bislang nur nicht-rekombinante Vertreter und vier A/C-Rekombinanten publiziert, die alle aus Afrika, Süd-Amerika oder Indien stammen (Luo et al. 1995; Gao et al. 1998; Lole et al. 1999). Darüberhinaus beschränken sich die bislang gesammelten Daten über Viren des Subtyps C in China auf genetische Subtypisierungen des env-Gens (Luo et al. 1995; Yu et al. 1997; Salminen et al. 1995).

30

Mehrere klinische Studien zur Bekämpfung von HIV-Infektionen wurden bislang mit Vakzinen durchgeführt. Die enttäuschenden Ergebnisse, die bei klinischen Studien beobachtet wurden,

beinhaltet wiederholt berichtete Infektionsdurchbrüche bei den Impflingen. Dies wurde vor allem auf die umfangreichen Sequenzvariationen zwischen den verabreichten Hüllproteinen und dem infektiösen Input-Virus zurückgeführt, was tatsächlich vorwiegend auf eine unzureichende Charakterisierung der in einer bestimmten geographischen Region zirkulierenden 5 Viruspopulation zurückzuführen ist. Dies resultierte in der Erzeugung von humoralen und - in geringerem Ausmaß - von zellvermittelten Immunantworten gegen virale Antigene, welche nicht relevant waren für die in der Population des Testgebietes zirkulierenden Viren. Zudem konnte gezeigt werden, daß geringe, spezifisch gegen das Hüllprotein gerichtete Antikörper nicht nur keine neutralisierenden Eigenschaften besitzen, sondern darüberhinaus sogar zu einer 10 Verstärkung der Infektion mittels Komplement- oder Fc-Rezeptor beitragen. Des Weiteren erwiesen sich die ausgewählten Antigene und Verabreichungssysteme als extrem schwach für die Induktion der zellvermittelten Immunantwort.

Angesichts eines Mangels an genauer Kenntnis über Subtyp-übergreifende protektive 15 Immunantworten sowie über die komplexe Situation in Entwicklungsländern, wo bekanntermaßen viele Subtypen von HIV-1 kozirkulieren, sollten Impfstoff-Präparationen Mischungen von repräsentativen Antigenen enthalten. Somit besteht also ein Bedarf an der Isolierung und Charakterisierung von Viren des Subtyps C, insbesondere für die Klonierung der kodierenden Region.

20 Die Aufgabe der vorliegenden Erfindung wird durch den in den Patentansprüchen definierten Gegenstand gelöst.

Die nachfolgenden Figuren erläutern die vorliegende Erfindung.

25 Figur 1 zeigt eine Darstellung der phylogenetischen Verwandtschaft der das env-Gen C2V3 kodierenden Region des Klons 97cn54 zu den Vertretern der wichtigen Subtypen von HIV-1 (M-Gruppe). "cn-con-c" steht für die env-Konsensussequenz der HIV-1-Stämme des Subtyps C, welche in China prävalent sind. Der phylogenetische Stammbaum wurde mittels der "neighbour joining"-Methode erstellt. Die Werte an den Knoten geben die "bootstraps" in % an, welche die Eingruppierung rechts unterstützt. Nur "bootstrap"-Werte, die 70% erreichen oder überschreiten, 30 sind angegeben. Die Klammern rechts stellen die Sequenzen der wichtigsten Subtypen von

HIV-1, M-Gruppe, dar.

Figur 2 zeigt eine Darstellung der RIP-Analyse (Recombinant Identification Program), Version 1.3, des gesamten für gagpol kodierenden Bereichs von 97cn54 (Fenstergröße: 200, Schwellenwert für die statistische Signifikanz: 90%, Umgang mit Lücken: STRIP). Die Positionen der offenen Leserahmen von gag und pol sind durch Pfeile im Diagramm oben dargestellt. Die RIP-Analyse basierte auf Hintergrundvergleichen unter Verwendung von Referenzsequenzen, die von ausgewählten Virus-Stämmen abstammten, die die wichtigsten Subtypen von HIV-1 darstellen. Standardvertreter sind durch verschiedene Farben markiert, wie angezeigt. Die x-Achse gibt die Nukleotid-Positionen entlang des Sequenzvergleichs an. Die y-Achse gibt die Ähnlichkeit von 97cn54 mit den aufgelisteten Referenz-Subtypen an.

Figur 3 zeigt eine Darstellung der phylogenetischen Verwandtschaft verschiedener Regionen innerhalb der von 97cn54 abgeleiteten Leserahmen von gagpol mit Standard-Vertretern der wichtigsten Subtypen von HIV-1 (M-Gruppe). Unter Verwendung der "neighbour joining"-Methode basierend auf den folgenden Sequenzabschnitten: (A) Nukleotide 1-478, (B) 479-620, (C) 621-1290, (D) 1291-1830, (E) 1831-2220, (F) 2221-2520 und (G) 2521-2971 wurden phylogenetische Stammbäume erstellt. Die angegebenen Positionen beziehen sich auf das erste Nukleotid des offenen Leserahmens von gag. Graue Bereiche kennzeichnen Cluster der analysierten Sequenzen entweder mit von Subtyp C (A, C, E, G) oder von Subtyp B (B, D, F) abgeleiteten Referenzstämmen. Die Werte an den Knoten geben die "bootstrap"-Werte in Prozent an, durch die das Cluster rechts bestätigt wurde. Es werden nur "bootstrap"-Werte von 70% oder mehr gezeigt.

Figur 4 zeigt eine Darstellung der RIP-Analyse, Version 1.3, von verschiedenen Regionen von 97cn54 (Fenstergröße: 200, Schwellenwert für die statistische Signifikanz: 90%, Umgang mit Lücken: STRIP). Die Analyse umfaßte (A) einen Sequenzbereich von 1500 bp Länge vom Startkodon des vif-Gens bis zum 5'-Ende von env einschließlich vif, vpr, dem ersten Exon von tat und rev, vpu und den ersten 200 bp des env-Gens und (B) ein etwa 700 bp langes Fragment, das 300 bp vom 3'-Ende von env, die das komplette nef-Gen und Teile der 3'-LTR-Region umfassen, überlappt. Die Positionen der Startkodons vpr, tat, vpu, env, nef und das 5'-Ende der 3'-LTR-Region sind jeweils oben in den Diagrammen durch Pfeile gekennzeichnet. Die RIP-

- Analyse basierte auf Hintergrund-Vergleichen unter Verwendung von Sequenzen, die von ausgewählten Virusstämmen abgeleitet waren, die die wichtigsten Subtypen von HIV-1 repräsentierten. Die angegebenen Standardvertreter sind durch verschiedene Farben gekennzeichnet. Die x-Achse gibt die Nukleotidpositionen entlang des Sequenzvergleichs an.
- 5 Die y-Achse gibt die Ähnlichkeit von 97cn54 mit den aufgelisteten Referenz-Subtypen an. (C) und (D) zeigen RIP-Analysen von Sequenzen von zwei unabhängigen C-Isolaten (xj24 und xj158) aus China, die das vpr- und vpu-Gen einschließlich des ersten Exons von tat überlappen.

Figur 5 zeigt die Analyse eines phylogenetischen Stammbaums. Phylogenetische Stammbäume  
10 wurden unter Verwendung der "*neighbour joining*"-Methode erstellt basierend auf (A) einem 380 bp langen Fragment, das 150 bp vom 3'-Ende des vpr-Gens bis zum Ende des vpu-Leserahmens überlappt, (B) den ersten 290 bp der kodierenden Region von nef und (C) auf den 320 bp am 3'-Ende des nef-Gens. Die Werte an den Knoten geben die "*bootstrap*"-Werte in Prozent an, durch die das Cluster rechts bestätigt wurde. Es werden nur "*bootstrap*"-Werte von 70% oder mehr  
15 gezeigt. Die Klammern rechts stellen die wichtigsten Subtyp-Sequenzen von HIV-1, Gruppe M, dar.

Figur 6 ist eine schematische Darstellung der mosaikartigen Organisation des Genoms von  
97cn54.

20 Figur 7 ist eine Darstellung des Vergleichs zwischen bekannten und experimentell nachgewiesenen CTL-Epitopen des Prototyps B (HIV-1<sub>LAI</sub>) und den entsprechenden Aminosäure-Sequenzen der Polypeptide gag, pol und env des Stammes 97cn54 vom Subtyp C. Die funktionellen Domänen in GAG (p17 Matrix, p24 Kapsid, p15 Nukleokapsid und Linker-Protein), POL (PR Protease, RT Reverse Transkriptase, IN Integrase) und ENV (gp120 äußeres Glykoprotein, gp41 Transmembranprotein) sind entsprechend bezeichnet. Die Zahlen unterhalb der offenen Leserahmen geben die Aminosäure-Position relativ zu den aminoterminalen Enden der Polypeptide an. Haplotyp-Restriktionen der bekannten CTL-Epitope von HIV-1<sub>LAI</sub> sind am linken bzw. rechten Rand angegeben. Die grünen Balken kennzeichnen Sequenz-Identität  
25 zwischen dem bekannten Epitop und der entsprechenden Sequenz vom Subtyp C, blaue Balken bedeuten 2 oder weniger konservative Fehlpaarungen. Rote Balken stellen vom Subtyp C abgeleitete Sequenz-Bereiche mit mehr als 2 konservativen Fehlpaarungen oder nicht-  
30

konservative Substitutionen im Vergleich zu dem entsprechenden von LAI abgeleiteten Epitop dar.

Figur 8 zeigt die vollständige kodierende Nukleotidsequenz von 97cn54 von HIV-1, Subtyp C (SEQ ID NO:1), mit den entsprechenden Aminosäuren im Einbuchstaben-Kode. Alle 3 Leserahmen sind angegeben. Die Sternchen stellen Stopp-Kodons dar.

Figur 9 zeigt in einer Darstellung das Ergebnis der Aktivitäten zytotoxischer T-Zellen in Milzzellen von BALB/c Mäusen nach intramuskulärer Immunisierung mit den angezeigten DNA-Plasmiden. Lymphoide Zellen, gewonnen 3 Wochen nach der Primärrimmunisierung aus jeweils 5 Mäusen pro Gruppe, wurden mit AMQMLKETI (Einbuchstabencode) Gag-Peptid beladenen syngenen P815 Mastozytom Zellen (bestrahl mit 20,000 rad) kokultiviert. Kontrollen schlossen Milzzellen nicht-immunisierter Mäuse, stimuliert mit Peptid-beladenen P815 Zellen ein. Zytotoxische Effektor-Zellpopulationen wurden nach einer 5-tägigen Kultur *in vitro* geerntet.

Die zytotoxischen Antworten wurden gegen A20 Zellen, beladen mit dem oben aufgeführte nonameren Peptid oder gegen unbeladene A20 Zellen, in einem Standard <sup>51</sup>Cr Freisetzungstest ausgelesen. Die gezeigten Daten repräsentieren die Mittelwerte aus jeweils Dreifachansätzen. Die ermittelten Standardabweichungen lagen jeweils unter 15% gemessen am Mittelwert.

Die Begriffe "Epitop" oder "Antigene Determinante", wie nachfolgend verwendet, bedeuten eine immunologisch determinante Gruppe eines Antigens, das spezifisch von einem Antikörper erkannt wird. Ein Epitop kann Aminosäuren in räumlicher oder diskontinuierlicher Konformation umfassen und umfaßt mindestens 3, vorzugsweise mindestens 5, Aminosäuren. Ein Epitop kann auch ein einzelnes Segment einer Polypeptid-Kette umfassend eine kontinuierliche Aminosäure-Sequenz umfassen.

Der Begriff "Polynukleotid", wie nachfolgend verwendet, bezieht sich auf ein einzel- oder doppelsträngiges Heteropolymer aus Nukleotid-Einheiten beliebiger Länge, wobei diese entweder Ribo- oder Desoxyribonukleotide sein können. Der Begriff umfaßt auch modifizierte Nukleotide.

Der Begriff "Derivat", wie nachfolgend verwendet, bezeichnet eine Nukleinsäure, die ebenfalls das oder die Polypeptide kodiert, die von einer anderen Nukleotidsequenz kodiert werden, obwohl sich ihre Nukleotidsequenz von der anderen Nukleotidsequenz unterscheidet. In diesem Sinne bezeichnet der Ausdruck „Derivat“ auch Äquivalente der anderen Nukleotidsequenz, die 5 aufgrund der Degeneration des genetischen Codes vorliegen. Unter den Begriff Derivat fallen z.B. Nukleinsäuren, die die gleichen Polypeptide wie die Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 kodieren, aber eine andere Nukleotidsequenz aufweisen, oder es fallen ferner Nukleinsäure-Fragmente unter den Begriff, die das gleiche Polypeptid kodieren wie Nukleinsäure-Fragmente der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3.

10

Der Begriff "Polypeptid", wie nachfolgend verwendet, bezieht sich auf eine Kette von mindestens 2 Aminosäure-Resten, die durch Peptidbindungen miteinander verbunden sind. Der Begriff umfaßt daher alle Aminosäure-Ketten, z.B. Oligopeptide und Proteine. Der Begriff bezieht sich auch auf solche Aminosäure-Ketten, bei denen eine oder mehrere Aminosäure(n) 15 modifiziert ist(sind), z.B. durch Acetylierung, Glykosylierung oder Phosphorylierung.

Der Begriff "kontinuierliche Sequenz" und "Fragmente", wie nachfolgend verwendet, bezieht sich auf einen linearen Abschnitt von Nukleotiden oder Aminosäuren, der von einer Referenz-Sequenz stammt, z.B. von den Sequenzen der vorliegenden Erfindung, wie sie in dem 20 Sequenzprotokoll wiedergegeben sind.

Der Begriff "selektive Hybridisierung" bzw. "selektiv hybridisierbar", wie nachfolgend verwendet, bezieht sich auf Hybridisierungsbedingungen, bei denen zwei Polynukleotide unter stringenten Hybridisierungsbedingungen Duplex-Nukleotidmoleküle bilden. Diese Bedingungen 25 sind im Stand der Technik bekannt und z.B. in Sambrook et al., Molecular Cloning, Cold Spring Harbour Laboratory (1989), ISBN 0-87969-309-6 beschrieben. Beispiele für strenge Hybridisierungsbedingungen sind: (1) Hybridisierung in 4 x SSC bei 65°C oder (2) Hybridisierung in 50% Formamid in 4 x SSC bei 42°C, jeweils gefolgt von mehreren Waschschritten in 0,1 x SSC bei 65°C (1 Stunde lang).

30

Der Begriff "viraler Vektor" oder "bakterieller Vektor", wie nachfolgend verwendet, bezieht sich auf gentechnisch veränderte Viren oder Bakterien, mit denen sich die in den SEQ ID NO:1, 2

oder 3 ausgeführten DNA-Sequenzen, davon abgeleitete Derivate, Fragmente, Sequenzen kodierend für Epitope oder Epitop-Strings in unterschiedliche Zellen, bevorzugt in antigenpräsentierende Zellen wie beispielsweise Dendritische Zellen einbringen lassen. Ein bakterieller Vektor kann darüber hinaus geeignet sein, ein von SEQ ID NO:1, 2 oder 3 kodiertes  
5 Polypeptid, davon abgeleitete Epitope oder Epitop-Strings direkt zu exprimieren.

Ein Aspekt der vorliegenden Erfindung betrifft eine Nukleotidsequenz, wie sie in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2 oder SEQ ID NO: 3 beschrieben ist. Zunächst wurde eine molekulare Epidemiologie-Studie unter mehr als 100 IDUs aus China, die seropositiv bezüglich des Subtyps  
10 C von HIV-1 waren, durchgeführt, um notwendige Informationen zu sammeln über repräsentative virale Genome von im wesentlichen voller Länge. Die Genotypisierung auf der Basis der konstanten Region 2 und der variablen Region 3 (C2V3) innerhalb des Gens für das virale Hüll-Glycoprotein offenbarte die höchste Homologie der am meisten prävalenten Virusstämme, die in ganz China zirkulieren, zu Sequenzen des Subtyps C indischen Ursprungs.  
15 Basierend auf diesen Ergebnissen wurde aus peripheren mononukleären Blutzellen (PBMC) von einem ausgewählten HIV-infizierten IDU direkt ein Genom von im wesentlichen voller Länge amplifiziert und subkloniert, das die am meisten prävalente Klasse der C-Stämme, die in ganz China zirkulieren, darstellt. Die Sequenzanalyse identifizierte eine Mosaikstruktur, was auf extensive Intersubtyp-Rekombinationsvorgänge zwischen den Genomen der prävalenten C- und  
20 (B')-Subtyp-Thai-Virusstämme jener geographischen Region deutet. Eine RIP-Analyse (Recombinant Identification Program Analysis) und phylogenetisches "bootstrapping" legten insgesamt 10 Bruchstellen (i) in der für gagpol kodierenden Region, (ii) in vpr und am 3'-Ende des vpu-Gens und (iii) im offenen Leserahmen von nef nahe. Thai (B')-Sequenzen umfassen daher (i) mehrere Insertionen in der kodierenden Region von gagpol (Nukleotide 478-620, 1290-  
25 1830, 2221-2520, jeweils bezogen auf das erste Nukleotid innerhalb des Startkodon des Gag- bzw. des GagPol-Leserahmens), (ii) 3'-vpr, das komplette vpu, die ersten Exons von tat und rev (etwa 1000 Nukleotide beginnend etwa an Nukleotid 138 bezogen auf das Startkodon des Vpr-Leserahmens) und (iii) die 5'-Hälfte des nef-Gens (Nukleotide 1-300). Die übrigen Bereiche innerhalb der 9078 Nukleotide umfassenden Sequenz (SEQ ID NO: 1; Tabelle 3) weisen höchste  
30 Homologien zu bekannten Subtyp C Isolaten auf. Bruchstellen von 97cn54, die in der kodierenden Region von vpr/vpu bzw. im nef-Gen lokalisiert sind, wurden bei vielen Stämmen des Subtyps C, die von IDUs isoliert wurden, die in verschiedenen Gebieten Chinas leben, an

ähnlichen Positionen gefunden. Dies legt eine gemeinsame Abstammung für die C/B'-rekombinanten Stämme nahe. Bei mehr als 50% der gut definierten CTL-Epitope, die vom Subtyp B abstammen, innerhalb von Gag und Pol und bei 10% der bekannten Epitope in Env, wurde gefunden, daß die Sequenzen innerhalb dieser C/B'-chimären Referenzstämme exakt übereinstimmen. Diese Ergebnisse können die Anstrengungen in bezug auf Impfstoffe in China deutlich erleichtern, indem außerordentlich wichtige Matritzen für die Konzeption von Impfstoffen bereitgestellt und Reagenzien für die am besten geeigneten immunologischen/virologischen Ausleseverfahren entwickelt werden.

- 10 Die Verwendung der beschriebenen Sequenz gemäß vorliegender Erfindung, einer Sequenz von HIV-1, das den am meisten prävalenten C-Typ Virusstamm innerhalb Chinas darstellt, als Grundlage und Ausgangsmaterial ist für die Entwicklung von präventiv oder therapeutisch einsetzbaren Impfstoffen von Vorteil. Die notwendigen Konsequenzen für die Entwicklung eines erfolgreichen HIV-Impfstoffkandidaten sind (i) ein detailliertes Wissen über die jeweilige epidemiologische Situation und (ii) die Verfügbarkeit einer klonierten kodierenden Sequenz, die innerhalb einer geographischen Region oder einer bestimmten Bevölkerung den am meisten prävalenten Virusstamm repräsentiert. Solche Sequenzen stellen die Grundlage dar (i) für die rationale Konzeption von präventiv und therapeutisch einsetzbaren HIV-Impfstoffkandidaten, (ii) für Entwicklung spezifischer Therapeutika, wie beispielsweise therapeutisch wirksamer Decoy-  
15 Oligonukleotiden und Proteine, Antisense-Konstrukte, Ribozyme und transdominant negativ wirksamer Mutanten (iii) für die Entwicklung lentiviraler Vektoren für die Gentherapie und (iv) die Herstellung von Reagenzien, die für Diagnose und Verlaufskontrolle der HIV-Infektion sowie die immunologische/virale Überwachung des Impfungsprozesses eingesetzt werden  
20 können.

25

- Dies ist insbesondere zutreffend für Impfstoffkandidaten, die auf den HIV-Hüllproteinen beruhen, von denen gezeigt wurde, daß sie unter allen HIV-Proteinen die größte Variabilität aufweisen. Darüber hinaus wird ein erfolgreicher Impfstoff sehr wahrscheinlich beide Arme des Immunsystems induzieren müssen: neutralisierende Antikörper, idealerweise gerichtet gegen  
30 Konformations-Epitope im Hüllprotein sowie zellvermittelte Immunantworten (CD4-positive T-Helfer-Zellen, CD8-positive zytolytische T-Zellen, Zytokine vom Typ Th-1,  $\beta$ -Chemokine), erzeugt gegen Epitope verschiedener viralen Proteine. Das Konformations-Epitop gemäß der

- vorliegenden Erfindung besteht aus mindestens 3 Aminosäuren, vorzugsweise aus 5 oder mehr Aminosäuren, die bei der Antikörper-Bindung involviert sind. Konformationelle Epitope können sich auch aus mehreren Abschnitten entweder eines einzigen Proteins, oder - im Falle oligomerer Komplexe wie z.B. des trimeren Hüllglykoprotein-Komplexes - aus mehreren Abschnitten unterschiedlicher Untereinheiten zusammensetzen. Ein lineares Epitop gemäß der vorliegenden Erfindung variiert normalerweise in der Länge und umfaßt mindestens 8 Aminosäuren bis etwa 15 Aminosäuren oder mehr, wobei eine Länge von 9 bis 11 Aminosäuren insbesondere im Falle MHC Klasse I restringierter CTL-Epitope bevorzugt ist.
- 10 Die vorliegende Erfindung betrifft somit ferner Polypeptide, kodiert von der Nukleotidsequenz oder Fragment oder Derivat der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3. Die vorliegende Erfindung betrifft ferner Polypeptide, umfassend eine kontinuierliche Sequenz von mindestens 8 Aminosäuren, die von der Nukleotidsequenz oder Fragmenten oder Derivaten der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 kodiert werden. Vorzugsweise umfasst das erfindungsgemäße Polypeptid eine antigene Determinante, die natürlicherweise in Infizierten eine Immunreaktion auslöst. Besonders bevorzugt sind Polypeptide, umfassend eine Aminosäuresequenz, kodiert von der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:2 oder 3 oder dessen Derivate und Fragmente. Insbesondere bevorzugt sind Epitope umfassend einen kontinuierlichen Bereich von 9 bis 11 Aminosäuren, die identisch sind zwischen den durch SEQ ID NO:1 15 kodierten Polypeptiden und einem HIV-1<sub>LAI</sub> Referenzisolat, oder die 2 oder weniger konservierte Aminosäuresubstitutionen innerhalb der 9 bis 11 Aminosäuren umfassenden Sequenz aufweisen. Beispiele für derartige Epitope sind in Beispiel 11 aufgeführt. Die erfindungsgemäßen Polypeptide können z.B. als Impfstoffe und Therapeutika oder zur Diagnostik verwendet werden.
- 20 Ein weiterer Aspekt der vorliegenden Erfindung betrifft ein Polynukleotid gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3. Ferner betrifft die vorliegende Erfindung ein Polynukleotid-Fragment der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3, oder ein Polynukleotid, das mindestens eine kontinuierliche Sequenz von Nukleotiden umfaßt, die zur selektiven Hybridisierung an die Nukleotidsequenz, wie sie in SEQ ID NO:1, 2 oder 3 dargestellt ist, in der Lage ist. Ferner 25 betrifft die vorliegende Erfindung Derivate der erfindungsgemäßen Polynukleotide oder Polynukleotid-Fragmente. Vorzugsweise umfasst das Polynukleotid oder das Polynukleotid-Fragment eine kontinuierliche Sequenz von mindestens 9 Nukleotiden, bevorzugterweise von

mindestens 15 Nukleotiden, noch bevorzugterweise von mindestens 27 Nukleotiden, oder eine längere Sequenz. Das Polynukleotid oder das Polynukleotid-Fragment kann auch die kodierende Region der einzelnen HIV-Gene umfassen, wie z.B. von gag, pol, env. Beispiele sind in SEQ ID NO: 2 und SEQ ID NO: 3 angegeben. Ein weiterer Aspekt der vorliegenden Erfindung betrifft 5 ein Polynukleotid, umfassend mindestens 2 erfindungsgemäße Polynukleotid-Fragmente, wobei die Sequenzen der Polynukleotid-Fragmente auch überlappen oder durch einen Nukleotid-Platzhalter voneinander getrennt sein können. Die Sequenzen der Polynukleotid-Fragmente können identisch oder verschieden sein. Die erfindungsgemäßen Polynukleotide oder Polynukleotid-Fragmente können als Impfstoffe oder Therapeutika oder zur Diagnostik 10 verwendet werden.

Die kodierende Sequenz des Klons 97cn54 und Derivate davon, ausgeführt in Form der SEQ ID NO: 1, als Vertreter des HIV-1 vom Subtyp C kann als Grundlage für die folgenden Anwendungen verwendet werden:

15

Entwicklung von Subtyp-C-spezifischen HIV-1-Impfstoffen für prophylaktische und therapeutische Zwecke. Diese Subtyp-spezifischen Impfstoffe können weltweit in allen geographischen Regionen, wo das Subtyp-C-Virus für die HIV-Epidemie eine wesentliche Rolle spielt, verwendet werden, also z.B. in Lateinamerika, in Afrika und in Asien. Insbesondere 20 sollten HIV-Impfstoffe, die getestet werden sollen in und entwickelt werden sollen für Südost-Asien und China auf der beschriebenen kodierenden Sequenz von 97cn54 beruhen, um Subtyp-spezifische humorale und zellvermittelte Immunantworten zu induzieren. Des Weiteren können solche HIV-1 Subtyp C-spezifischen Impfstoffe als eine Komponente in einer Kocktail-Vakzine eingesetzt werden, die entweder alle oder eine definierte Auswahl der weltweit relevanten HIV 25 Subtypen berücksichtigt.

Um gute humorale und zellvermittelte Immunantworten in den Impflingen zu induzieren, enthalten die Antigene oder kodierenden Sequenzen, die dem Immunsystem zugeführt werden sollen, vorzugsweise (i) kurze kontinuierliche Abschnitte von mindestens 3 bis etwa 5 30 Aminosäuren Länge oder längere Abschnitte, abgeleitet von einem der offenen Leserahmen, wie sie in Tabelle 3 abgebildet sind, (ii) Bereiche von vorzugsweise 9 bis 11 Aminosäuren, (iii) Kombinationen dieser Bereiche, die entweder getrennt oder als Polypeptid-Kette (*Epitope-*

Strings) verabreicht werden, wobei die Epitope-Strings bzw. deren Aminosäuresequenzen entweder überlappen oder aber durch Aminosäuren oder andere Platzhalter getrennt sein können, und besonders bevorzugterweise vollständige Proteine oder die entsprechenden kodierenden Sequenzen oder deren Varianten, die auch umfangreiche Deletionen umfassen können. Daher 5 betrifft eine andere Aufgabe der vorliegenden Erfindung Polypeptide, die kodiert werden von den Nukleotidsequenzen oder Fragmenten der Nukleotidsequenzen, wie sie in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2 und SEQ ID NO: 3 dargestellt sind. Vorzugsweise umfaßt das Polypeptid eine kontinuierliche Sequenz von mindestens 8 Aminosäuren, vorzugsweise mindestens von 9 bis 11 Aminosäuren, besonders bevorzugterweise von mindestens 15 Aminosäuren oder längere 10 Sequenzen oder diskontinuierliche Epitope, die sich vorzugsweise aus wenigstens drei Aminosäuren einer einzigen Polypeptidkette oder, im Falle oligomerer Proteinkomplexe, auch unterschiedlicher Polypeptidketten zusammensetzen. Impfstoff-Konstrukte auf der Basis der kodierenden Sequenz von 97cn54 schließen alle im Stand der Technik bekannten Antigenformen ein und greifen auf einschlägige Verabreichungssysteme zurück.

15

Kurze Epitope, kodiert von Fragmenten der Nukleinsäuresequenzen gemäß SEQ ID NO: 1 bis 3, und jeweils drei bis fünf Aminosäuren, vorzugsweise von 9 bis 11 oder mehr Aminosäuren umfassend, können vorzugsweise synthetisch hergestellt werden. Derartige Peptide enthalten entweder ein B-Zellepitop, ein MHC Klasse II-restringiertes T-Helferepitop, ein MHC Klasse I-restringiertes zytotoxisches T-Zellepitop oder Kombinationen der genannten Varianten. Dabei 20 können einzelne Epitope überlappen oder auch durch Platzhalter, präferentiell bestehend aus Glyzin und/oder Serin Resten voneinander getrennt sein. Verzweigtkettige Peptide können entsprechend dem Stand der Technik entweder während der Synthese oder unter Zuhilfenahme der gängigen und kommerziell erhältlichen homo- und heterobifunktionellen chemischen 25 Quervernetzer im Anschluß an die Synthese und Reinigung der entsprechenden Peptide erzeugt werden. Alternativ können *per se* wenig immunogene Peptide durch Quervernetzung auch an ausgewählte Trägerproteine wie z.B. Ovalbumin konjugiert werden, gentechnisch in Trägerproteine inseriert oder an deren N- bzw. C-Terminus fusioniert werden. Vorzugsweise sind derartige Trägerproteine (i) bei Expression in geeigneten Zellkultursystemen (siehe unten) oder 30 (ii) nach geeigneter Rückfaltung des gereinigten, denaturierten Proteins in der Lage, partikuläre Strukturen auszubilden, bei denen B-Zellepitope vorzugsweise auf der Oberfläche des partikulären Carriers zu liegen kommen. Zahlreiche Beispiele solcher zur Ausbildung

- partikulärer Strukturen tendierender Polypeptide sind mittlerweile bekannt wie beispielsweise das Hepatitis B-Virus (HBV) Core Antigen (HBcAg), das HBV Oberflächenprotein (HBsAg), das HIV gruppenspezifische Antigen, das Polyomavirus VP1 Protein, das Pappillomvirus L1 Protein oder das TyA Protein der Hefe. Aufgrund der Tatsache, daß sich die Mehrheit der bislang beschriebenen partikelbildenden Proteine aus den Kapsid- oder Strukturproteinen unterschiedlichster Viren rekrutiert, spricht man hier auch von Virus-ähnlichen Partikeln (VLP, virus-like particles; Übersicht: Sonderausgabe *Vaccine*. (1999) Volume 18. Advances in Peptide, Protein and Nucleic Acid Vaccine Strategies. edited by Prof. P.T.P. Kauyama)
- 10    *Epitop-Strings* und Polypeptide, kodiert von Fragmenten der Nukleinsäuresequenzen gemäß SEQ ID NO: 1 bis 3, mit einer Länge größer 30, vorzugsweise größer 50 Aminosäuren sowie Polypeptide mit einer Tendenz zur Ausbildung partikulärer Strukturen (VLP) können nach dem Stand der Technik in Prokaryonten produziert und gereinigt werden. Derartige Plasmide enthalten dementsprechend einen bakteriellen Replikationsursprung wie z.B. ColE1, in aller 15    Regel einen Selektionsmarker wie z.B. eine Resistenz gegenüber Kanamycin oder Ampicillin, eine konstitutiv aktive oder induzierbare Transkriptions-Kontrolleinheit wie beispielsweise den LacZ- oder Tac Promotor, sowie die Signale zum Translationsstart und Translationsstop. Zur vereinfachten Expression und Affinitätsreinigung können auch optional abspaltbare Fusionsanteile und Reinigungshilfen wie beispielsweise die Glutathion-S-Transferase oder 20    Reinigungshilfen wie z.B. Oligohistidin-tags (Fänger) verwendet werden.

Die DNA- oder RNA-Sequenzen, die (i) zur Herstellung der *Epitop-Strings*, kompletter Proteine oder Virus-ähnlicher Strukturen in eukaryontischen Zellkulturen wie z.B. Hefezellen, Pilzen, Insektenzellen oder Säugerzellen verwendet werden oder die (ii) zur direkten Verabreichung von 25    DNA zu Immunisierungszwecken eingesetzt werden, können sich auf eine Verwendung der Kodons verlassen, wie sie vom Virus selbst verwendet wird. Alternativ kann die Verwendung der Kodons, wo immer technisch möglich, angepasst werden an die am häufigsten oder zweithäufigsten verwendeten Kodons in Genen, die im jeweiligen Produktionssystems hoch exprimiert werden. Beispiele für die Optimierung des Kodongebrauchs in einem unter 30    Sicherheitsaspekten optimierten Polygen, beinhaltend die Gene Gag, Pol und Nef, sowie im Hüllprotein-Gen sind gegeben in SEQ ID NO: 2 und SEQ ID NO: 3. Die SEQ IDs NO: 2 und 3 sind in Beispiel 15 näher spezifiziert.

Die Etablierung von Zelllinien zur Produktion der *Epitop-Strings*, Polypeptide oder Virusähnlichen Strukturen in den genannten Zellkultur-Systemen kann dem Stand der Technik entsprechend auf Vektoren basieren, die wiederum neben einem bakteriellen  
5 Replikationsursprung, einem positiven oder negativen Selektionsmarker vor allem die entsprechenden Kontrollregionen zur regelkonformen Transkription und Translation des Fremdproteins beinhalten können. Die nachfolgend beschriebenen Komponenten der DNA Vakzinkonstrukte stehen exemplarisch auch für die Module, die sich auch in Vektoren zur Expression der *Epitop-Strings*, Polypeptide oder kompletten Proteine in unterschiedlichen  
10 Säugerzellkulturen wiederfinden.

Bei der einfachsten Form der Immunisierung handelt es sich um die direkte Verabreichung eines reinen DNA-Impfstoffes. Dieser enthält im wesentlichen 5'-seitig vom kodierenden Bereich eine Transkriptions-Kontrollregion, auch Promotor/Enhancer-Region genannt, der wahlweise ein  
15 funktionelles Intron zur Steigerung der Genexpression folgen kann, (ii) eine Kozak-Sequenz inklusive eines Translations-Startkodons sowie am 3'-Ende des Fremdgens ein Translations-Terminationskodon gefolgt von einer Polyadenylierungs-Signalsequenz. Die Promotor/Enhancerregion kann präferentiell eine konstitutive Expression des gewünschten Genproduktes unterstützen und ist beispielsweise von der Transkriptions-Kontrollregion eines  
20 unmittelbar frühen (IE) Cytomegalievirus-Gens (CMV-IE) oder dem Rous-Sarcoma Virus (RSV) LTR (*long terminal repeat*) abgeleitet. Alternativ kann auch eine induzierbare Form einer Transkriptions-Kontrollregion wie z.B. ein *Tet on/Tet off* Promotor verwendet werden, bei dem die Transkription beispielsweise durch die Gabe von Tetrazyklin oder entsprechender Analoga reguliert wird. Des Weiteren bietet sich hier die Verwendung von Zelltyp-spezifisch regulierten  
25 Transkriptions-Kontrollregionen an wie z.B. die stromaufwärts des Muskel-Kreatin-Kinase Gens (MCK Gen; muskelspezifische Expression), des CD4-Rezeptorgens oder der MHC Klasse II Gene (präferentielle Expression in Antigen-präsentierenden Zellen) gelegenen Promotor/Enhancerregionen. In einigen Fällen verwendet man auch chimäre Kombinationen aus  
30 (i) Zelltyp-spezifischen Promotoren und (ii) viralen Enhancerregionen, um die Vorteile einer gewebespezifischen Expression mit denen der starken Transkriptionsaktivität viraler Enhancer zu vereinen. Die Verstärkung der Genexpression durch das Einbinden eines in aller Regel 5'-seitig des offenen Leserahmens gelegenen funktionellen Introns geht auf eine gesteigerte

Kernexportrate gespleißter im Vergleich zu ungespleißten Transkripten zurück und wird beispielsweise durch die Insertion eines im  $\beta$ -Globin Gen gelegenen Introns erreicht.

- Eine bevorzugte Form eines auf SEQ ID NO:1, 2 oder 3 basierenden DNA-Impfstoffs enthält
- 5 zusätzlich ein von Alpha-Viren wie beispielsweise von Semliki-Forest- oder Venezuela-Encephalitis-Viren (SFV, VEE) abgeleitetes Replikon. In diesem Fall folgt der oben beschriebenen nukleären Transkriptions-Kontrolleinheit und dem wahlweise berücksichtigten Intron zunächst der für die VEE oder SFV Nichtstrukturproteine (NS) kodierende Bereich. Erst
- 10 3' seitig davon folgt das eigentliche Fremdgen, dessen zytoplasmatische Transkription seinerseits durch einen NS-sensitiven Promotor reguliert wird. Dementsprechend wird ausgehend von der nukleären Transkriptions-Kontrolleinheit ein langes Transkript über mehrere offene Leserahmen erzeugt, das anschließend ins Zytosol transloziert wird. Die dort synthetisierten NS-Proteine aktivieren dann durch Bindung an die entsprechende Kontrollregion die zytoplasmatische Transkription der Fremdgene. Dieser Amplifikationseffekt führt in aller Regel zu einer
- 15 abundanten RNA Synthese und folglich hohen Fremdprotein-Syntheseraten. Letzteres erlaubt, im direkten Vergleich mit konventionellen Plasmiden, die auf den beschriebenen Effekt durch zytoplasmatische RNA Amplifikation verzichten, in aller Regel eine deutliche Reduktion der zu verabreichen Plasmidmenge bei wenigstens vergleichbarer Immunogenität.
- 20 Die oben beschriebenen Peptide, Proteine, Virus-ähnlichen Partikel und DNA-Konstrukte können durch intramuskuläre, subkutane, intradermale, intravenöse Injektion verabreicht werden, wobei für die Verabreichung der proteinösen Antigene jeweils der Stand der Technik angewendet wird. Zur DNA-Immunisierung können entweder konventionelle Spritzen mit Injektionsnadeln verwendet werden, oder aber Gerätschaften, die ohne Nadeln auskommen und in aller Regel die
- 25 DNA über Druckluft direkt in das gewünschte Gewebe einbringen können. Dazu zählt insbesondere auch die intranasale und orale Applikation DNA-haltiger Vakzin- Formulierungen durch sprayartige Vorrichtungen. Alternativ dazu kann die DNA auch an feste Träger wie z.B. Goldkügelchen konjugiert und beispielsweise unter Luftdruck in die entsprechenden Gewebe verabreicht werden.
- 30 Zur Verstärkung oder Modulation der Immunantwort können die erwähnten proteinösen Antigene und DNA-Konstrukte auch mit sogenannten Adjuvantien, i.d. Regel Stimulatoren der

Immunantwort, kombiniert oder in einer sequentiellen Abfolge mit den Adjuvantien verabreicht werden. Konventionelle Adjuvantien wie z.B. Aluminiumhydroxyd oder Aluminium-Hydroxyphosphat resultieren in einer Stimulation der humoralen Immunantwort, die sich auch durch hohe Antikörpertiter vom IgG1 Subtyp auszeichnet. Modernere Adjuvantien, wie 5 beispielsweise CpG Oligonukleotide (Konsensuskernmotiv: Purin-Purin-CpG-Pyrimidin-Pyrimidin) oder chemisch modifizierte Derivate davon (Phosphothioat-Oligonukleotide; Oligonukleotide mit Peptidrückgrat) verstärken üblicherweise den zellulären Arm der Immunantwort und unterstützen vornehmlich den Th1-Typ der zellvermittelten Immunität, gekennzeichnet durch hohe Antikörpertiter vom Subtyp IgG2a und die Induktion von Th1 10 Zytokinen wie z.B.  $\gamma$ -IFN, IL-2 und IL-12.

Die Verabreichung und Aufnahme von Peptiden, Proteinen und DNA-Vakzinkonstrukten kann insbesondere auch verbessert werden durch Bindung an oder Inkorporation in höhermolekulare Strukturen, wie z.B. biodegradierbare Partikel, multilamellare, idealerweise kationische 15 Liposomen, immunstimulierende Komplexe (ISCOMS), Virosomen oder *in vitro* assemblierter Viruspartikel. Zu biodegradierbaren Partikeln zählen beispielsweise PLA- (L-lactic acid), PGA- (polyglycolic) oder PLGA- [poly (D,L-lactide-co-glycolide)] Mikrosphären oder Derivate davon, kationische Mikropartikel oder von bakteriellen Kapselpolysacchariden abgeleitete Trägersubstanzen. Der Sammelbegriff ISCOMS steht für immunstimulierende Komplexe, die auf 20 wasserlöslichen Extrakten der Rinde von *Quillaja saponaria* entstammen und mittels chromatographischer Verfahren weiter aufgereinigt wurden. Eine dem Stand der Technik entsprechende, detaillierte Übersicht zu den unterschiedlichsten Adjuvantien und Verabreichungshilfen findet sich unter 25 <http://www.niaid.nih.gov/aidsvaccine/pdf/compendium.pdf> [Vogel, F. R., Powell, M. F. and Alving, C. R., „A Compendium of Vaccine Adjuvants and Excipients (2nd Edition)].

Des Weiteren können zur günstigen Präsentation von Epitop-Strings, Polypeptiden und Virusähnlichen Partikeln virale und, alternativ, bakterielle Vektoren eingesetzt werden.

30 Nach dem aktuellen Stand der Technik eignen sich beispielsweise gentechnisch veränderte Salmonellen und Listerien aufgrund ihres natürlichen Zelltropismus in besonderer Weise dazu, DNA-Vakzinkonstrukte in Antigen-präsentierende Zellen wie Monozyten, Makrophagen und

- vor allem in dendritische Zellen einzubringen. Die gentechnischen Veränderungen können neben einem Gewinn an Zelltypspezifität unter anderem dazu beitragen, daß die DNA unbeschadet das Zytoplasma der Antigen-präsentierenden Zelle erreicht. In diesem Fall gelangt ein DNA-Vakzinkonstrukt in den Zellkern, wo über einen eukaryontischen, vorzugsweise viralen oder zelltypspezifischen Promotor der entsprechende Leserahmen unter Nutzung der zellulären Ressourcen und Proteine transkribiert wird. Nach dem Transport der RNA ins Zytoplasma wird das entsprechende Genprodukt translatiert und, je nach Beschaffenheit, posttranslational modifiziert und dem entsprechenden zellulären Kompartiment zugewiesen.
- 10 Bakterielle Vektoren (Salmonellen, Listerien, Yersinien etc.) können auch zur Induktion einer Schleimhautimmunität, vorzugsweise nach oraler Verabreichung verwendet werden. Dabei werden die entsprechenden Antigene durch die bakterielle Transkriptions- und Translationsmaschinerie hergestellt und unterliegen demnach nicht den in Säugerzellen sonst üblichen posttranslationalen Modifikationen (keine entsprechende Glykosylierung; kein sekretorischer *Pathway*).

Daneben existieren mittlerweile eine Vielzahl von attenuierten viralen Vektoren, mit deren Hilfe sich die gewünschten Antigene erfolgreich und in hohen Ausbeuten exprimieren lassen. Neben deren Tauglichkeit zur reinen Antigen-Produktion können solche virale Vektoren auch direkt zur Immunisierung eingesetzt werden. Diese kann zunächst entweder *ex vivo* erfolgen, beispielsweise zur Infektion von Antigen-präsentierenden Zellen, die anschließen dem Impfling verabreicht werden, oder direkt *in vivo* durch die subkutane, intradermale, intracutane, intramuskuläre oder intranasale Immunisierung mit dem rekombinanten Virus, die eine günstige Antigen-Präsentation mit entsprechendem Immunisierungserfolg erzielen lässt. So können beispielsweise durch Immunisierung mit rekombinanten Vakzinia Viren wie z.B. dem durch Passagieren über Hühnerzellen attenuierten *Modifizierten Vaccinia Virus Ankara* (MVA), dem gentechnisch attenuierten *Vaccinia Stamm New York* (NYVAC) oder die in Vögeln endemischen aviären *Vaccinia* Viren (*Fowlpox*, *Canarypox*) adäquate humorale und zellvermittelte Immunantworten in den geimpften Personen induziert werden. Alternativ eignen sich dazu in gleicher Weise auch eine Reihe anderer Viren wie z.B. rekombinante Alpha-Viren, darunter das Semliki-Forest Virus oder das Venezuela-Enzephalitis Virus, rekombinante Adenoviren, rekombinante Herpes Simplex Viren, Influenzaviren und andere.

Letztlich können auf Basis der SEQ ID NO:1, 2, oder 3 auch attenuierte HIV-Viren generiert und zu Immunisierungszwecken eingesetzt werden, sofern mittels Klonierverfahren nach dem Stand der Technik die Regulationssequenzen (LTR, long terminal repeat), die den kodierenden Bereich flankieren, ergänzt werden. Eine hinreichende Attenuierung des Virus kann dann entsprechend 5 dem Stand der Technik durch eine oder mehrere Deletionen beispielsweise im Nef-Gen erzielt werden.

Die in den Beispielen SEQ ID NO: 1 und SEQ ID NO: 3 ausgeführten Nukleinsäuresequenzen sowie daraus abgeleitete Peptide, Proteine oder Virus-ähnlichen Partikel können auch als 10 Komponenten viraler Vektoren zur Genüberführung eingesetzt werden.

Die durch das GagPol-Gen (SEQ ID NO:1; Nukleotid 177-4458; Tabelle 3) kodierten Polypeptide können beispielsweise die Verpackungs- und Rezeptorfunktionen von z.B. lenti- oder retroviralen Vektoren bereitstellen. So können z.B. nach transienter Transfektion von 15 Säugerzellen durch geeignete Plasmidvektoren, welche die gleichzeitige Expression des GagPol und VSV-G (vesicular stomatitis virus Hüllprotein G) Gens unterstützen und die Verpackung eines therapeutischen Transgens sicherstellen, Viruspartikel erzeugt werden, die auch in der Lage sind, ruhende, postmitotische oder enddifferenzierte Zellen zu transduzieren. Dieses Verfahren zur Generierung transduktionskompetenter Viruspartikel kann wesentlich erleichtert und 20 effizienter gestaltet werden, beispielsweise durch die Etablierung stabiler Zelllinien, z.B. basierend auf *human embryonic kidney* Zellen (HEK293), die das GagPol Polyprotein konstitutiv oder unter Kontrolle eines induzierbaren Promoters exprimieren. Alternativ können auch rekombinante Adenoviren generiert werden, die die Verpackungsfunktionen, die Rezeptorfunktionen und die Transgenfunktionen oder Kombinationen daraus kodieren, und so 25 als Werkzeug zum *ex vivo*, *in situ* und *in vivo* Delivery von retro- oder lentiviralen Vektoren dienen.

Die durch SEQ ID NO: 3 kodierten Hüllproteine oder Derivate davon können die Rezeptorfunktion für lenti-, spuma- oder retrovirale Vektoren oder anderer, auf umhüllten Viren 30 basierender Vektoren durch Inkorporation in den Lipid-Bilayer bereitstellen. Dazu können beispielsweise auch Verpackungslinien erzeugt werden, bei denen sowohl die GagPol Proteine von Retro-, Spuma- und vorzugsweise von Lentiviren, als auch die aus SEQ ID NO: 1 und 3

abgeleiteten Hüllproteine entweder konstitutiv oder unter Kontrolle eines induzierbaren, wahlweise eines in der Aktivität regulierbaren Promoters exprimiert werden. Alternativ dazu können, beispielsweise basierend auf dem Genom von Typ C oder Typ D Retroviren oder anderer membranumhüllter Viren wie z.B. Influenza- oder Herpesviren, chimäre Viren generiert 5 werden, die zusätzlich zu dem natürlichen Hüllprotein oder anstelle des natürlichen Hüllproteins ein von SEQ ID NO: 1 oder SEQ ID NO: 3 abgeleitetes Hüllprotein auf der Oberfläche tragen.

Gegen die aus den SEQ IDs NO: 1 bis 3 abgeleiteten Peptide, Proteine oder Virus-ähnlichen Partikel können auch (i) polyklonale Antiseren, (ii) monoklonale Antikörper (Maus, Mensch, 10 Kamel), (iii) Antikörperderivate wie beispielsweise *single-chain* Antikörper, humanisierte Antikörper, bispezifische Antikörper, Phagen-Antikörperbanken oder (iv) andere hochaffin bindende Polypeptide wie z.B. Derivate des hPSTI (human pancreatic secretory trypsin inhibitor) generiert werden. Diese Reagentien können zu therapeutischen Zwecken, beispielsweise zur Behandlung von HIV-Infektionen oder zu diagnostischen Zwecken, beispielsweise zur 15 Herstellung von Testkits verwendet werden.

Auf ähnliche Weise können die aus SEQ ID NO:1, 2 oder 3 abgeleiteten Peptide, Proteine oder Nukleinsäure-Sequenzen für diagnostische Zwecke, z.B. für die Serodiagnostik und für die Anwendung von Nukleinsäure-Hybridisierungstechniken oder Nukleinsäure- 20 Amplifikationssystemen oder Kombinationen davon verwendet werden. Vorzugsweise können die erfindungsgemäßen Polynukleotid-Fragmente der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1 in einer Polymerase-Kettenreaktion eingesetzt werden. Besonders bevorzugt werden die erfindungsgemäßen Polynukleotid-Fragmente der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1 zur Diagnostik mittels DNA-Chiptechnologie eingesetzt.

25

Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

**Beispiel 1:**

30 Blutproben

Alle Blutproben, die für diese Studie verwendet wurden, wurden im Zuge der nationalen, molekularepidemiologischen Studie von 1996/1997 bezüglich HIV-1, Subtyp C, seropositiven

IDUs aus mehreren HIV-epidemischen Gebieten in China entnommen. Periphere mononukleäre Blutzellen (PBMC) wurden mittels Ficoll-Gradienten abgetrennt. Die Viren wurden durch Kokultivierung der PBMCs von seropositiven IDUs mit Phytohämagglutinin (PHA)-stimulierten Donor-PBMCs isoliert. Positive Viruskulturen wurden aus den Zellkultur-Überständen 5 nachgewiesen mittels des HIV-1 p24 Core Profile ELISA-Kits (DuPont Inc., Boston, MA).

**Beispiel 2:****Polymerase Kettenreaktionen (PCR) und DNA-Sequenzierung**

Provirale DNA wurde aus produktiv infizierten PBMCs von mehr als einhundert ausge-wählten 10 HIV-1-positiven IDUs aus den nordwestlichen Provinzen Chinas extrahiert (Qiagen Inc., Valencia, CA). Die *Nested*-PCR wurde verwendet, um die kodierende Region für env C2V3 zu amplifizieren. Die PCR-Produkte wurden mittels der *Taq-cycle*-Methode unter Verwendung von Fluoreszenzfarbstoff-markierten Terminatoren (Applied Biosystems, 373A, Foster City, CA) wie kürzlich beschrieben (Bai et al. 1997; Yu et al. 1997) direkt sequenziert. Multiple 15 Sequenzvergleiche wurden unter Verwendung der *Wisconsin software package Genetics Computer Group* mit den Korrekturmethoden nach Kimura durchgeführt (GCG, 1997, Version 9).

**Beispiel 3:**

20 Phylogenetische Stammbaum-Analysen wurden von allen erhaltenen Sequenzen unter Verwendung des PHYLIP-Software-Pakets durchgeführt. Evolutionäre Entfernung wurden an Hand der *maximum parsimony*-Methode berechnet und durch kumulative horizontale Länge der Zweige angegeben. Die statistische Robustheit des *neighbour joining* Stammbaums wurde wie kürzlich beschrieben durch *bootstrap resampling* überprüft (Graf et al. 1998).

25

**Beispiel 4:****Auswahl eines repräsentativen HIV-1-Isolats des Subtyps C von chinesischen IDUs**

Innerhalb der Gruppen betragen die berechneten durchschnittlichen Abstände innerhalb der für C2V3 kodierenden Region auf DNA-Ebene  $2,26 \pm 1,43$ , was darauf hindeutet, daß die Epidemie 30 in diesem Gebiet noch sehr jung ist. Die Unterschiede zwischen den Gruppen zwischen chinesischen Subtyp-C-Sequenzen und denen aus Indien, Afrika, und Südamerika betragen  $9,67 \pm 2,31$  (Indien),  $15,02 \pm 4,13$  (Afrika) und  $8,78 \pm 3,41$  (Südamerika). Das zeigt eine enge

22

phylogenetische Verwandtschaft zwischen indischen und chinesischen Subtyp-C-Sequenzen (Lole et. al. 1999) und eine nennenswerte genetische Entfernung zu der *per se* relativ heterogenen Gruppe afrikanischer HIV-1-Stämme des Subtyps C.

5 **Beispiel 5:**

Identifizierung eines Virus-Isolats, das den in China zirkulierenden prävalenten Virus-Stamm des Subtyps C am besten repräsentiert

Aus den analysierten Proben wurde ein als 97cn54 bezeichnetes repräsentatives Isolat identifiziert, das höchste Homologie (99,6%) zu einer berechneten Konsensus-Sequenz (cn-  
10 conV3), die auf Grundlage der charakterisierten lokalen HIV-Sequenzen (Tabelle 1) erstellt worden ist, aufweist. Multiple Aminosäure-Sequenzvergleiche einschließlich der Primärsequenzen der V3-Schleife von primären Subtyp-C-Vertretern aus den verschiedensten epidemischen Regionen und auch Konsensus-Sequenzen von anderen Subtypen (A-H, O, CPZ) unterstrichen den Subtyp-C-Charakter des ausgewählten Primärisolats 97cn54 (Tabelle 1).  
15 Verglichen mit einer V3-Gesamtkonsensus-Sequenz (consensus) zeigen sowohl 97cn54 als auch cn-con-c Aminosäure-Abweichungen an den Positionen 13 (H→R) und 19 (A→T), die beide charakteristisch für Isolate des Subtyps C sind (C\_consensus).

20

25

30

**Tabelle 1:** Aminosäure-Sequenz-Vergleich der V3-Schleifen:

	Position	1	11	21	31	38
	Consensus	CTRPNNNTRK	SIHIGPGQAF	YA---TGDI	I	GDIRQAH
5	C_94IN11246	-	r-----t-	--	--e-v	-n-----
	C_93IN905	-	r-----t-	--	-----m	-----
	C_93IN999	-vr-----e	--r-----t-	--	--e--	-----
	C_consensus	-	r-----t-	-----	-----	-----
10	C_ind8	-	tr-----t-	-----	-----	-----
	97cn54-v3	---	g-----r-----t-	-----	-----	-----
	cn-con-v3	---	g-----r-----t-	-----	-----	-----
	C_bro025	-	r-----	-----e--	-----	-----
15	C_ind1024	-	r-----t-	-----	-----r-y-	-----
	C_nof	-	r-rv---tv	-----na	-----	-----
	C_zam20	-a-g-----	r-----t-f-----a--	-----	-----	-----
	C_sm145	---ya-----	vr-----t-	-----n-----	-----	-----
	A_consensus	-	vr-----	-----	-----	-----
20	B_consensus	-	-----r-t-----e	-----	-----	-----
	D_consensus	---	y---q rt-----l	-----tr-----	-----	-----
	E_consensus	---	s---t --t-----v	-r-----	-----k-y	-----
	F_consensus	---	-----l-----	-----	-----k-----	-----
	G_consensus	---	-----t-----	-----	-----	-----
25	H_consensus	---	-----s-----	-----	-----k-y	-----
	O_consensus	---	e---gidiqe .-r---.m-w	-smglg-tng	nss-a-y-	-----

**Tabelle 1:** Der Aminosäure-Sequenz-Vergleich der V3-Schleifen von Konsensus-Sequenzen verschiedener Subtypen von HIV-1 (A-O) und ausgewählte Isolate des Subtyps C aus verschiedenen Ländern. Die V3-Gesamtkonsensus-Sequenz wurde durch den Vergleich der Konsensus-Sequenzen von verschiedenen Subtypen (A-O) ermittelt. cn-con-V3 stellt die Konsensus-Sequenz von HIV-1-Stämmen Subtyps C, die in China prävalent sind, dar. 97cn54 wurde als repräsentatives Standard-Isolat der in China vorkommenden prävalenten HIV-1-Stämme des Subtyps C ausgewählt. "-" bedeutet keinen Austausch gegenüber der V3-Konsensus-Sequenz, Kleinbuchstaben bedeuten eine Aminosäure-Substitution und "." bedeutet Lücken. Alle Konsensus- und Isolat-Sequenzen für multiple Vergleiche wurden von der Datenbank Los Alamos erhalten.

**Beispiel 6:**

- 40 Die für das 97cn54 Hüllprotein kodierende Sequenz ist am nächsten verwandt mit Virus-Stämmen des Typs C aus Indien.  
Phylogenetische Stammbaum-Analysen, ursprünglich basierend auf den C2V3-Sequenzen des

env-Gens, ergaben, daß sowohl 97cn54 als auch die Konsensus-Sequenz der chinesischen Isolate des Subtyps C sich mit den Stämmen des Subtyps C aus Indien (ind8, d1024, c-93in905, c-93in999, c-93in11246), aus Afrika (c-eth2220, c-ug286a2), und aus Südamerika (92br025, nof, cam20 und sm145) gruppieren (clustern). Dies weist darauf hin, daß die indischen Virus-Stämme 5 des Subtyps C der Ursprung der Epidemie von HIV-1, Subtyp C, in China sein könnten (Figur 1). Diese Hypothese stimmt auch überein mit unserer früheren epidemiologischen Erkenntnis, die bestätigt, daß mit HIV-1, Subtyp C, infizierte Menschen in Yunnan Injektionskanülen mit indischen Schmuckhändlern im Grenzgebiet geteilt haben sollen (Shao et al. 1999).

10 **Beispiel 7:**

Klonierung des HIV-1-Genoms von im wesentlichen voller Länge

Genome von HIV-1 von im wesentlichen voller Länge wurden amplifiziert mittels des *Expand Long Template PCR*-Systems (Boehringer-Mannheim, Mannheim, Deutschland), wie beschrieben bei Graf et al. (1998) und Salminen et al. (1995). Die Startermoleküle (Primer) 15 wurden in konservierten Regionen innerhalb der langen terminalen Wiederholungen (LTR) von HIV-1 positioniert: TBS-A1 (5'-ATC TCT AGC AGT GGC GGC CGA A) und NP-6 (5'-GCA CTC AAG GCA AGC TTT ATT G). Gereinigte PCR-Fragmente wurden mit glatten Enden in einen mit *SrfI* verdaulichen pCR-Script-Vektor (Stratagene, Heidelberg, Deutschland) ligiert und in den *E. coli*-Stamm DH5 $\alpha$  transformiert. Verschiedene rekombinante Klone, die im wesentlichen 20 das HIV-1-Genom voller Länge enthielten, wurden mittels Restriktionsfragmentlängen-Polymorphismus (RFLP) und Sequenzierung der kodierenden Sequenz der V3-Schleife identifiziert. Laut RFLP-Analyse unter Verwendung verschiedener Kombinationen von Restriktionsendonukleasen und nachfolgender Sequenzierung der kodierenden Sequenz der V3-Schleife waren 77% der positiven Konstrukte voller Länge nahezu identisch. Ein Proviruss- 25 Konstrukt, das die breite Mehrheit der positiven Klone repräsentiert, wurde ausgewählt und wie oben beschrieben unter Verwendung des *primer-walking*-Ansatzes sequenziert (die Startermoleküle wurden ungefähr alle 300 bp entlang des Genoms für beide Strände entworfen).

**Beispiel 8:**

30 DNA-Sequenzen wurden unter Verwendung der Lasergene Software (DNASTAR, Inc., Madison, WI) auf Macintosh-Computern zusammengesetzt. Alle Referenzsequenzen der Subtypen dieser Studie sind von der Los Alamos HIV Datenbank. Ähnlichkeiten in der Nukleotid-Sequenz

wurden mittels des lokalen Homologie-Algorithmus von Smith und Waterman berechnet. Multiple Sequenzvergleiche mit verfügbaren Sequenzdaten anderer Subtypen wurden unter Verwendung des Wisconsin Softwarepakets *Genetics Computer Group* (GCG, 1997, Version 9) durchgeführt.

5

**Beispiel 9:****Gesamtstruktur der kodierenden Sequenz von 97cn54**

Die 9078 bp lange genomische Sequenz des Isolats 97cn54 enthielt alle bekannten strukturellen und regulatorischen Gene des HIV-1-Genoms. Es wurden keine wesentlichen Deletionen, 10 Insertionen oder Umlagerungen gefunden. Die Ähnlichkeiten in der Nukleotid-Sequenz wurden untersucht mittels Vergleich aller kodierenden Sequenzen (CDS) von 97cn54 mit Konsensus-Sequenzen verschiedener Genotypen und ausgewählter Subtyp-Isolate (Tabelle 2). Die höchsten Homologien der Leserahmen von gag, pol, env und vif zu den entsprechenden Konsensus-Sequenzen des Subtyps C lagen in einem Bereich von 93,93 bis 95,06%. Diese Beobachtung 15 erweiterte den oben beschriebenen Sequenzvergleich und die phylogenetische Stammbaum-Analyse aufgrund von C2V3 erheblich (siehe Tabelle 1 und Figur 1). Sie bestätigte daher eindeutig, daß das ausgewählte Virus-Isolat zur Gruppe der kürzlich veröffentlichten Virus-Stämme des Subtyps C gehört. Die durch diese Art der Analyse für die Gene tat, vpu, vpr und nef bestimmten Werte der Homologie waren jedoch nicht ausreichend, um eine klare Zuordnung 20 dieser Leserahmen zu Virus-Stämmen des Subtyps B oder C zu erlauben (Tabelle 2). Für das Gen vpu wurden die höchsten Homologien zu den Subtypen B registriert (94,24%), während die Homologie zu der Konsensus-Sequenz des Subtyps C nur 78,23% betrug. Ähnliche Beobachtungen wurden für das Gen tat gemacht: höchste Homologie zum Isolat B'-rl42 (>91%), im Vergleich zu 87,9% (C-92br025) und 85,5% (C-eth2220) für ausgewählte primäre Vertreter 25 des Subtyps C oder 89,01% für die Konsensus-Sequenz des Subtyps C. Diese Daten legten zusammen mit dem Auftreten der Genotypen B, C und E im ganzen epidemischen Gebiet von Yunnan nahe, daß das analysierte Virus-Isolat einen Mosaik-Virusstamm darstellen könnte, der die Folge eines Rekombinationsvorgangs zwischen Subtyp B' und Subtyp C ist.

**Tabelle 2:** Vergleich der kodierenden Sequenzen von 97cn54 mit den entsprechenden Genen von Referenz-Stämmen und Subtyp-spezifischen Konsensus-Sequenzen.

CDS	Prozent Identität mit 97cn54									
	gag	pol	vif	vpr	tat	rev	vpu	env	nef	
A	87.68	91.80	86.81	83.66	84.90	83.97	79.82	85.75	84.19	
B	90.43	91.93	<b>88.04</b>	<b>90.31</b>	<b>86.56</b>	82.08	94.24	84.52	<b>88.13</b>	
B-mn	89.38	90.82	<b>86.01</b>	<b>89.31</b>	<b>87.44</b>	79.48	88.21	82.33	<b>85.41</b>	
B'-rl42	91.53	90.76	<b>86.01</b>	<b>88.97</b>	<b>91.163</b>	80.23	96.74	82.70	<b>85.99</b>	
C	94.65	94.29	<b>95.06</b>	<b>91.39</b>	<b>89.01</b>	91.99	78.23	93.93	<b>88.82</b>	
C-92br025	92.19	92.91	<b>88.51</b>	<b>90.03</b>	<b>87.91</b>	89.70	76.13	88.51	<b>86.20</b>	
C-eth2220	91.4	92.06	<b>87.15</b>	<b>90.77</b>	85.57	88.08	80.09	87.15	87.08	
D	89.80	91.08	87.74	87.94	83.93	84.39	87.30	85.26	86.88	
E/A	86.324	89.07	86.59	83.39	81.44	81.74	77.31	82.09	84.18	
F	88.02	88.99	86.36	86.25	80.65	86.25	82.33	84.02	/	
G	88.08	/	/	/	/	/	/	84.55	/	
H	87.69	89.45	86.01	85.22	/	/	/	83.74	/	
O	73.42	78.02	72.12	76.604	72.31	76.60	59.54	67.01	80.35	
CPZ	74.14	78.80	93.75	75.44	76.00	75.44	64.41	72.42	/	

5 **Tabelle 2:** Nukleotidsequenz-Vergleich aller kodierenden Sequenzen (CDS) zwischen 97cn54 und DNA-Sequenzen, die entweder (1) Konsensus-Sequenzen bestimmter HIV-1-Subtypen (erhalten von der Los Alamos HIV-Datenbank) oder (2) Isolate des Standard-Subtyps C (92br025 und eth2220) und B (mn und rl42) darstellen. Die Daten geben die Identität einer bestimmten Sequenz mit 97cn54 in Prozent an. Nicht-eindeutige Nukleotid-Positionen innerhalb der 10 Konsensus-Sequenzen wurden als identisch bewertet. Die höchsten Homologien sind in Fettdruck hervorgehoben. "/" bedeutet, daß von der Los Alamos Datenbank keine Konsensus-Sequenz verfügbar war.

#### Beispiel 10:

15 Bestimmung der Rekombinationen zwischen den Subtypen  
 Das rekombinante Identifikationsprogramm (RIP, Version 1.3; <http://hiv-wew.lanl.gov/tools>) wurde verwendet, um potentielle Mosaik-Strukturen innerhalb der Gesamtsequenz dieses Klons zu identifizieren (Fenstergröße: 200; Schwellenwert für die statistische Signifikanz: 90%; Umgang mit Lücken: STRIP; informativer Modus: OFF). Es wurden Lücken eingeführt, um den

Vergleich zu ermöglichen. Die Hintergrund-Sequenzen der Subtypen in dieser Analyse waren: u455 (Subtyp A), RL42 (chinesischer Subtyp B-Thai (B')), eth2220 (Subtyp C), z2d2 (Subtyp D), 93th2 (Subtyp A/E).

##### 5 Beispiel 11:

Rekombination zwischen den Subtypen in der kodierenden Region für Gag-Pol von 97cn54

Auch wenn wesentliche Homologien zu den Virusstämmen des Subtyps C innerhalb der hochkonservierten Leserahmen von gag und pol beobachtet wurden, identifizierte die RIP-Analyse 3 Bereiche der intra-subtypischen Rekombination innerhalb gagpol um die Positionen

- 10 478-620, 1290-1830 und 2221-2520 oberhalb des Startkodons von gag. Diese verstreuten Abschnitte liegen innerhalb der Leserahmen von gag und pol und weisen höchste Homologien zu dem Prototyp B (Daten nicht gezeigt) und insbesondere zu einem Isolat des Subtyps B(B'), das aus Yunnan kommt (Figur 2), auf. Diese Beobachtung unterstreicht eindeutig die Wichtigkeit von RIP-Analysen, da einfache Homologie-Vergleiche auf der Basis von kompletten Genen nicht 15 in der Lage waren, diese kleinen verstreuten Fragmente eines anderen Subtyps zu identifizieren. Um die mittels RIP-Analyse erhaltenen Daten zu bestätigen, erstellten wir mehrere phylogenetische Stammbäume unter Verwendung der Regionen, die die Bereiche der vorgeschlagenen Rekombination entweder flankieren oder überspannen (Figur 3). Unter Verwendung mehrerer Standard-Vertreter verschiedener Subtypen und einiger ausgewählter 20 Primär-Isolaten des Subtyps C konnten alle vorgeschlagenen Bereiche der Rekombination bestätigt werden durch differenzielles Clustern von 97cn54 mit den jeweiligen Referenz-Isolaten der Subtypen C (Figuren 3 A, C, E, G) oder B (Figuren 3 B, D, F).

##### Beispiel 12:

- 25 Intersubtyp-Rekombination in der für env kodierenden Region von 97cn54

Wie die in Tabelle 2 zusammengefassten Sequenzvergleiche erwarten ließen, bestätigte die RIP-Analyse die Intersubtyp-Rekombination zwischen Subtyp (B')-Thai und C (Figur 4) eindeutig. Ein Fragment von etwa 1000 bp Länge, das sich von den 150 3'-terminalen bp von vpr über das erste Exon von tat und rev bis zu vpu erstreckt, zeigte das höchste Ausmaß an Homologie mit 30 dem Vertreter des lokalen Subtyps (B') (r142) (Figur 4 A). Darüber hinaus zeigte ein etwa 300 bp langer Sequenzbereich, der mit der 5'-Hälfte des Gens nef überlappt, höchste Homologie mit dem Subtyp (B')-Thai, wohingegen der verbleibende Teil einschließlich eines Fragments von 300 bp

Länge, der sich in die 3'-LTR-Region erstreckt, mit Subtyp C gruppiert (clustert) (Figur 4 B).

Unter Erweiterung der RIP-Analyse zeigten phylogenetischen Stammbäume die engste Verwandtschaft von vpr/vpu und dem 5'-Bereich des nef-Gens zu Isolaten des Subtyps B (Figur 5 5 A, B), wohingegen das 3'-nef-Fragment sich eindeutig mit Vertretern des Subtyps C gruppierte (Figur 5 C). Weitere Analysen bestätigten, daß die Sequenz des Subtyps B innerhalb dieses Mosaiks näher verwandt ist mit einem kürzlich beschriebenen Thai-(B')-Stamms (r142), der isoliert wurde von einem chinesischen IDU (Graf et al. 1998), als zu Prototyp-Isolaten des Subtyps B (mn und sf2) (Tabelle 2).

10

**Beispiel 13:****Repräsentativer Charakter von 97cn54**

In den kodierenden Regionen von vpr/vpu und dem nef-Gen von 97cn54 liegende Bruchstellen wurden in fast identischen Positionen bei allen Stämmen des Subtyps C, die aus in den 15 nordwestlichen Provinzen von China lebenden IDUs isoliert wurden, gefunden. 2 RIP-Analysen, die repräsentativ für 8 unabhängig voneinander isolierte und analysierte HIV-1-Stämme von verschiedenen mit HIV-1 infizierten Personen in der autonomen Region Xinjiang isoliert wurden, sind in den Figuren 4 C und D dargestellt. Was die Herkunft von 97cn54 (Südwesten von China) und xj24 und xj15 (nordwestliches Gebiet) betrifft, legen diese Daten für die durch 20 China zirkulierenden C/B'-rekombinanten Stämme einen gemeinsamen Vorläufer nahe. Unsere Ergebnisse zeigen also, daß 97cn54 ein C/(B')-Intersubtyp-Mosaikvirus mit 10 Bruchstellen der Intersubtyp-Rekombination darstellt, das unter den IDUs innerhalb der nordwestlichen Provinzen Chinas am stärksten prävalent ist. Eine schematische Darstellung des (B'/C)-Mosaikgenoms von Isolat 97cn54 ist in Figur 6 dargestellt.

25

**Beispiel 14:****Vorhersage der über Subtypen hinaus kreuzreaktiven spezifischen Epitope für HIV-spezifische zytolytische T-Zellen**

Genomische Sequenzen eröffnen die Möglichkeit, die Konserviertheit von bekannten CTL-Epitopen zu ermitteln, die einen Einfluß haben können auf die Effektivität von HIV-1-Impfstoffkandidaten. Die meisten Reagenzien und Daten bezüglich CTL-Epitopen stammen von 30 Sequenzen von HIV-1<sub>LAI</sub> des Subtyps B. Um die Konserviertheit von über Subtypen hinaus

kreuzreaktiven CTL-Epitopen abzuschätzen, wurden die vorhergesagten Protein-Sequenzen von 97cn54 mit den bekannten und am besten kartierten LAI-spezifischen CTL-Epitopen verglichen. Von den 194 beschriebenen CTL-Epitopen von HIV-1 liegen 75, 55, 40 und 24 in Gag, (p17, p24, p15), in der Reversen Transkriptase (RT), in gp120 bzw. in gp41. Während fast 50% oder 5 mehr der Epitope in Gag und RT völlig identisch sind, stimmten nur 5% und 17% der von HIV-1<sub>LAI</sub> abgeleiteten CTL-Epitope von gp120 und gp41 exakt mit der für 97cn54 vorhergesagten Aminosäure-Sequenz überein. Wenn man jedoch zwei konservative Fehlpaarungen in einem bestimmten CTL-Epitop zuläßt, war ein zusätzlicher Bereich von 48% (p17), 33% (p24), 40% (RT), 57% (gp120) und 33% (gp41) der bekannten CTL-Epitope von HIV-1<sub>LAI</sub> verwandt mit den 10 Sequenzen in den entsprechenden von 97cn54 abgeleiteten Polypeptiden. Natürlich muß diese letzte Betrachtung mit einiger Vorsicht aufgenommen werden, da sogar nicht-konservative Austausche die HLA-Bindung oder die T-Zell-Rezeptorerkennung eines antigenen Peptids beseitigen kann. Zusammengenommen sagen diese Beobachtungen jedoch eindeutig eine beträchtliche über die Subtypen hinaus kreuzreaktive CTL-Reaktivität voraus, insbesondere der 15 funktionell und immunologisch konservierten Proteine von HIV-1. Außerdem legen diese Daten nahe, daß ein beträchtlicher Anteil der Reagenzien (Peptide, Vakziniavirus-Konstrukte), die für die Kartierung und Charakterisierung von CTL-Epitopen des Subtyps B synthetisiert und etabliert worden sind, auch nützlich sein können für die Bestimmung von CTL-Reaktivitäten auf Basis von HIV-Sequenzen des Subtyps C.

20

**Tabelle 3:** Leserahmen der kodierenden Sequenz von 97cn54

Leserahmen	Start	Ende	Start	Ende
gag	177	1654		
pol	1447	4458		
env	5589	8168		
vif	4403	4984		
vpr	4924	5214		
vpu	5426	5671		
tat	5195	5409	7730	7821
rev	5334	5409	7730	7821
nef	8170	8790		

Die Nummern beziehen sich auf das 5'-Ende der in SEQ ID NO: 1 wiedergegebenen DNA Sequenz.

**Beispiel 15:**

5   (A) Beschreibung der synthetischen kodierenden Region für C54gp160: C-gp160

Das C-gp120-Gen wurde in die einzigen KpnI/SacI-Restriktionsschnittstellen des pCR-Script amp(+) -Klonierungsvektors (Stratagene, Genbank Accession: U46017) kloniert. Die synthetische, im Kodongebrauch an stark exprimierte Säugergene angepaßte kodierende Region von C54gp160 ist in SEQ ID NO: 3 dargestellt. Die synthetische Signalsequenz kodiert ein

10 Transportsignal für den Import des kodierten Polypeptids in das endoplasmatische Retikulum.

Die Positionen der verschiedenen kodierenden Regionen sind wie folgt:

CDS	Start	Ende
synthetische Signalsequenz	28	87
gp160	88	2580

(B) Beschreibung der synthetischen Sequenz von C54 gagpolnef: C-gpnef

15 Das Gen C-gpnef wurde in die einzigen KpnI/SacI-Restriktionsschnittstellen des pCR-Script amp(+) Klonierungsvektors (Stratagene) kloniert. Die synthetische, im Kodongebrauch an stark exprimierte Säugergene angepaßte Sequenz von C54gagpolnef ist in SEQ ID NO: 2 dargestellt. In dem vorliegenden Konstrukt wurde das N-terminale Glycin gegen Alanin (Nukleotidsequenz GGC) ausgetauscht, um ein Targeting des Polypeptides an die Zytosplasmamembran und die  
20 anschließende Sekretion von assemblierten Virus-ähnlichen Partikeln via Budding zu vermeiden. Gleichzeitig wurde an der natürlichen Frameshift-Sequenz ein (-1) Leserastersprung eingeführt, der ein obligates Durchlesen der Ribosomen aus dem Gag- in den Pol Leserahmen garantiert und so die Synthese eines GagPolNef Polyproteins sicherstellt.

Die Positionen der verschiedenen kodierenden Regionen sind wie folgt:

CDS	Start	Ende
gag	13	1500
5'pol ( $\Delta$ RT)	1501	2460
scrambled nef	2461	3090
3'pol ( $\Delta$ IN)	3091	4155
RT aktives Zentrum	4156	4266

Beispiel 16:

- 5 Das durch SEQ ID NO: 1 kodierte GagPolNef Polygen wurde über KpnI/XhoI in den Vektor pcDNA3.1 inseriert und in den E.coli Stamm XL1blue transformiert. Die Fähigkeit des GagPolNef Expressionsvektors eine Gag-spezifische Antikörperantwort zu induzieren wurde in weiblichen BALB/c Mäusen analysiert (Fig. 9). Zwei Gruppen von jeweils 5 Tieren erhielten jeweils eine intramuskuläre (i.m.) Primärimmunisierung von 100 µg DNA pro Immunisierung 10 gefolgt 2 i.m. Folgeimmunisierungen 3 und 6 Wochen später (Gruppe 1: pcDNA-GagPolNef; Gruppe 2: pcDNA). Eine Kontrollgruppe (Gruppe 3) wurde lediglich mit PBS immunisiert. Die Gesamttiter an Gag-spezifischem IgG wurden gegen gereinigtes Gag-Protein im ELISA bestimmt. Die Impfung mit pcDNA-GagPolNef resultierte in einer schnellen Induktion hoher Titer an Gag spezifischen Antikörpern (1:4.000), die gekennzeichnet war durch ein typisches 15 Th1 Profil an Antikörper Isotypen (IgG2a >> IgG1). Die beiden Kontrollgruppen 2 und 3 lieferten keine Hinweise auf die Generierung Gag-spezifischer Antikörper. Die Antikörpertiter stiegen beinahe um das hundertfache (1:20.000) 1 Woche nach der ersten Folgeimmunisierung und erreichten Gag-spezifische Endpunktltiter von 1:80.000 eine Woche nach der zweiten Boosterimmunisierung. Zu keinem Zeitpunkt konnte bei den beiden Kontrollgruppen eine 20 signifikante, Gag-spezifische Antikörperantwort nachgewiesen werden.

**Beispiel 17:**

Die Antigen-spezifische Zytokinsekretion als Hinweis auf die Induktion einer T-Helfer *Memory*-Antwort wurde aus Milzzellen analysiert, die jeweils 5 Tage nach der zweiten Folgeimmunisierung entnommen wurden. Die Milzzellen der Mäuse, die drei i.m.

5      Immunisierungen mit pcDNA-GagPolNef erhalten hatten, reagierten mit einer deutlichen gIFN Sekretion auf Gag-spezifischen Antigenstimulus (Tabelle 3). Eine vergleichsweise reduzierte gIFN Produktion wurde Milzzellen beobachtet, die aus Mäusen nach dreimaliger subkutaner (s.c.) oder intradermaler (i.d.) Immunisierung mit pcDNA-GagPolNef nach dem selben Schema wie oben gewonnen wurden. In allen Immunisierungsgruppen wurden, unabhängig von der

10     Immunisierungsroute, keine nennenswerte IL4- und IL5 Sekreten aus den spezifisch *in vitro* restimulierten Milzzellen festgestellt. Eine Zytokinsekretion aus nicht-stimulierten Milzzellen wurde nicht beobachtet.

Die i.m. Immunisierung mit pcDNA-GagPolNef führte demnach zu einem starken Th1 Zytokin-  
15     Profil, während die subkutane Verabreichung eher eine schwache Th1 Antwort induzierte.

**Tabelle 4:** Zytokin-Profil von *in vitro* Gag-stimulierten Milzzellen von Mäusen i  
Immunisierung (Nadelinjektion) oder i.d. bzw. s.c. Immunisierung durch eine Part  
mit den angegebenen DNA Konstrukten

DNA Vakzine	IL-4 (pg/ml)	IL-5 (pg/ml)	IFN- $\gamma$ (pg/ml)
pcDNA-GagPolNef (i.m.)	<8	<16	3220 $\pm$ 840
pcDNA-GagPolNef (i.d.)	<8	<16	80 $\pm$ 32
pcDNA-GagPolNef (s.c.)	<8	<16	<32

Mittelwerte  $\pm$  Standardabweichung von Milzzellen, gewonnen jeweils aus 5 Mäusen pro  
Experiment

**Beispiel 18:**

Um die Fähigkeit von pcDNA-GagPolNef zur Induktion Gag-spezifischer CTLs zu überprüfen wurden Milzzellen 3 Wochen nach einer primären Immunisierung mit pcDNA-GagPolNef (Gruppe 1), pcDNA (Gruppe 2) und PBS (Gruppe 3) *in vitro* in einer gemischen-Lymphozyten-Tumor-Zellkultur für 6 Tage spezifisch restimuliert und anschließend hinsichtlich ihrer zytotoxischen Aktivität untersucht. Bei dem nonameren, vom Gag Protein der Subtyp B-Viren

(IIIb-Isolat) abgeleiteten AMQMLKETI Peptid (Einbuchstabencode), das in diesem Versuch zur *in vitro* Restimulation gleichwie zur Bestimmung der spezifischen zytotoxischen Aktivität eingesetzt wurde, stellt bekannterweise ein D<sup>d</sup>-restringiertes CTL Epitope in der BALB/c Maus dar. Gag-spezifische zytotoxische T-Zellen konnten nach einer einmaligen i.m. Injektion mit dem pcDNA-GagPolNef Plasmid, nicht jedoch in einer der beiden Kontrollgruppen 2 und 3 festgestellt werden. Die Behandlung von Milzzellen mit dem oben genannten Peptid resultierte nicht in einem *in vitro Priming* Gag-spezifischer zytotoxischer T-Zellen. Diese Ergebnisse bestätigen (i) die Fähigkeit von pcDNA-GagPolNef zur Induktion Spezifischer zytotoxischer T-Zellen, die (ii) Subtyp-übergreifend aktiv sind (Figur 9).

10

#### Literatur

- Bai, X., Su, L., Zhang, Y., and et al(1997). Subtype and sequence analysis of the C2V3 region of gp120 gene among HIV-1 strains in Xinjiang. *Chin. J. Virology* 13.
- Carr, J. K., Salminen, M. O., Koch, C., Gotte, D., Artenstein, A. W., Hegerich, P. A., St Louis, D., Burke, D. S., and McCutchan, F. E.(1996). Full-length sequence and mosaic structure of a human immunodeficiency virus type 1 isolate from Thailand. *J. Virol.* 70, 5935-5943.
- Carr, J. K., Salminen, M. O., Albert, J., Sanders Buell, E., Gotte, D., Birx, D. L., and McCutchan, F. E.(1998). Full genome sequences of human immunodeficiency virus type 1 subtypes G and A/G intersubtype recombinants. *Virology* 247, 22-31.
- Esparza, J., Osmanov, S., and Heyward, W. L.(1995). HIV preventive vaccines. Progress to date. *Drugs* 50, 792-804.
- Expert group of joint United Nations programme on HIV/AIDS(1999). Implications of HIV variability for transmission: scientific and policy issues. *AIDS* 11, UNAIDS 1-UNAIDS 15.
- Gao, F., Robertson, D. L., Morrison, S. G., Hui, H., Craig, S., Decker, J., Fultz, P. N., Girard, M., Shaw, G. M., Hahn, B. H., and Sharp, P. M.(1996). The heterosexual human immunodeficiency virus type 1 epidemic in Thailand is caused by an intersubtype (A/E) recombinant of African origin. *J. Virol.* 70, 7013-7029.
- Gao, F., Robertson, D. L., Carruthers, C. D., Morrison, S. G., Jian, B., Chen, Y., Barre Sinoussi, F., Girard, M., Srinivasan, A., Abimiku, A. G., Shaw, G. M., Sharp, P. M., and Hahn, B. H.(1998). A comprehensive panel of near-full-length clones and reference sequences for non-subtype B isolates of human immunodeficiency virus type 1. *J. Virol.* 72, 5680-5698.
- Gaywee, J., Artenstein, A. W., VanCott, T. C., Trichavaroj, R., Sukchamnong, A., Amlee, P.,

- de Souza, M., McCutchan, F. E., Carr, J. K., Markowitz, L. E., Michael, R., and Nittayaphan, S.(1996). Correlation of genetic and serologic approaches to HIV-1 subtyping in Thailand. *J. Acquir. Immune. Defic. Syndr. Hum. Retrovirol.* **13**, 392-396.
- Graf, M., Shao, Y., Zhao, Q., Seidl, T., Kostler, J., Wolf, H., and Wagner, R.(1998). Cloning and 5 characterization of a virtually full-length HIV type 1 genome from a subtype B'-Thai strain representing the most prevalent B-clade isolate in China. *AIDS Res. Hum. Retroviruses* **14**, 285-288.
- Graham, B. S. and Wright, P. F.(1995). Candidate AIDS vaccines. *N. Engl. J. Med.* **333**, 1331-1339.
- 10 Kostrikis, L. G., Bagdades, E., Cao, Y., Zhang, L., Dimitriou, D., and Ho, D. D.(1995). Genetic analysis of human immunodeficiency virus type 1 strains from patients in Cyprus: identification of a new subtype designated subtype I. *J. Virol.* **69**, 6122-6130.
- Leitner, T. and Albert, J.(1995). *Human Retroviruses and AIDS 1995: a compilation and analysis of nucleic acid and amino acid sequences.* (Myers, G., Korber, B., Wain-Hobson, S., 15 Jeang, K., Mellors, J., McCutchan, F., Henderson, L., and Pavlakis, G. Eds.) Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, N. Mex. III147-III150.
- Lole, K. S., Bollinger, R. C., Paranjape, R. S., Gadkari, D., Kulkarni, S. S., Novak, N. G., Ingersoll, R., Sheppard, H. W., and Ray, S. C.(1999). Full-length human immunodeficiency virus type 1 genomes from subtype C-infected seroconverters in India, with evidence of intersubtype recombination. *J. Virol.* **73**, 152-160.
- 20 Loussert Ajaka, I., Chaix, M. L., Korber, B., Letourneur, F., Gomas, E., Allen, E., Ly, T. D., Brun Vezinet, F., Simon, F., and Saragosti, S.(1995). Variability of human immunodeficiency virus type 1 group O strains isolated from Cameroonian patients living in France. . *J. Virol.* **69**, 5640-5649.
- 25 Luo, C. C., Tian, C., Hu, D. J., Kai, M., Dondero, T., and Zheng, X.(1995). HIV-1 subtype C in China [letter]. *Lancet* **345**, 1051-1052.
- Myers, G., Korber, B., Foley, B., Jeang, K. T., Mellors, J. W., and Wain Hobson, S.(1996). *Human retroviruses and AIDS: a compilation and analysis of nucleic acid and amino acid sequences.* (Anonymous Theoretical Biology and Biophysics Group, Los Alamos, N. Mex.
- 30 Salminen, M. O., Koch, C., Sanders Buell, E., Ehrenberg, P. K., Michael, N. L., Carr, J. K., Burke, D. S., and McCutchan, F. E.(1995). Recovery of virtually full-length HIV-1 provirus of diverse subtypes from primary virus cultures using the polymerase chain reaction. *Virology* **213**,

80-86.

Shao, Y., Zhao, Q., Wang B., and et al(1994). Sequence analysis of HIV env gene among HIV infected IDUs in Yunnan epidemic area of China. *Chin. J. Virology* **10**, 291-299.

Shao, Y., Su, L., Sun, X., and et al(1998). Molecular Epidemiology of HIV infection in China.

5 *12th world AIDS conference, Geneva* 13132, (Abstract).

Shao, Y., Guan, Y., Zhao, Q., and et al(1999). Genetic variation and molecular epidemiology of the Ruily HIV-1 strains of Yunnan in 1995. *Chin. J. Virol.* **12**, 9.

Sharp, P. M., Robertson, D. L., and Hahn, B. H.(1995). Cross-species transmission and recombination of 'AIDS' viruses. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* **349**, 41-47.

10 Sharp, P. M., Bailes, E., Robertson, D. L., Gao, F., and Hahn, B. H.(1999). Origins and evolution of AIDS viruses. *Biol. Bull.* **196**, 338-342.

World Health Organisation Network for HIV Isolation and Characterization(1994). HIV-1 variation in WHO-sponsored vaccine-evaluation sites:genetic screening, sequence analysis and preliminary biological characterization of selected viral strains. *AIDS Res. Hum. Retroviruses*

15 **10**, 1327-1344.

Yu, H., Su, L., and Shao, Y.(1997). Identification of the HIV-1 subtypes by HMA and sequencing. *Chin. J. Epidemiol.* **18**, 201-204.

**Patentansprüche**

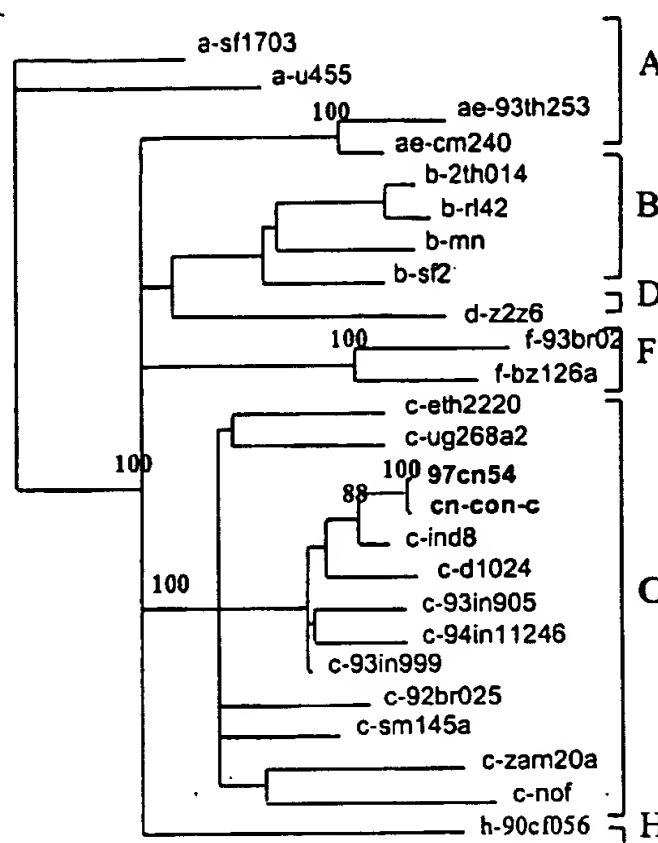
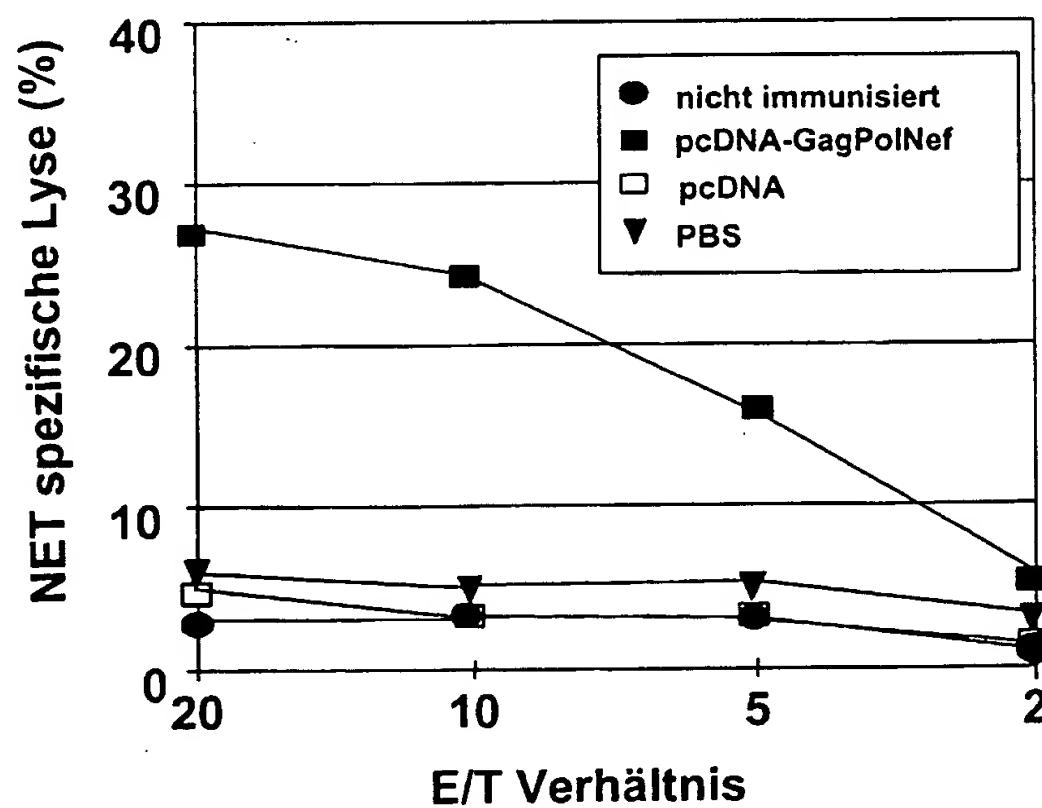
1. Ein Polynukleotid umfassend eine Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 oder dessen Fragment oder Derivat, oder ein Polynukleotid, das mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 hybridisiert.  
5
2. Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach Anspruch 1, wobei das hybridisierende Polynukleotid unter stringenten Bedingungen mit der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 hybridisiert.  
10
3. Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach Anspruch 1 oder 2, umfassend mindestens eine kontinuierliche Sequenz von mindestens 9 Nukleotiden, bevorzugt mindestens 15, mehr bevorzugt mindestens 27, oder mehr Nukleotide.  
15
4. Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach Anspruch 3 mit mehr als einer kontinuierlichen Sequenz von Nukleotiden, wobei mindestens zwei der kontinuierlichen Sequenzen durch einen Nukleotid-Platzhalter ("spacer") getrennt sind.  
20
5. Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach einem der Ansprüche 1 bis 4, welches für wenigstens ein Polypeptid kodiert, welches kodiert wird durch die unter SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2 oder SEQ ID NO: 3 beschriebene Nukleotidsequenz.  
25
6. DNA-Konstrukte, umfassend das Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach einem der Ansprüche 1 bis 5.  
30
7. Bakterieller oder viral Vektor, umfassend das Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach einem der Ansprüche 1 bis 5.
8. Polynukleotid oder dessen Fragment oder Derivat nach einem der Ansprüche 1 bis 5 als Arzneimittel, Impfstoff oder Diagnostikum.  
35
9. Verwendung des Polynukleotids oder dessen Fragments oder Derivats nach einem der

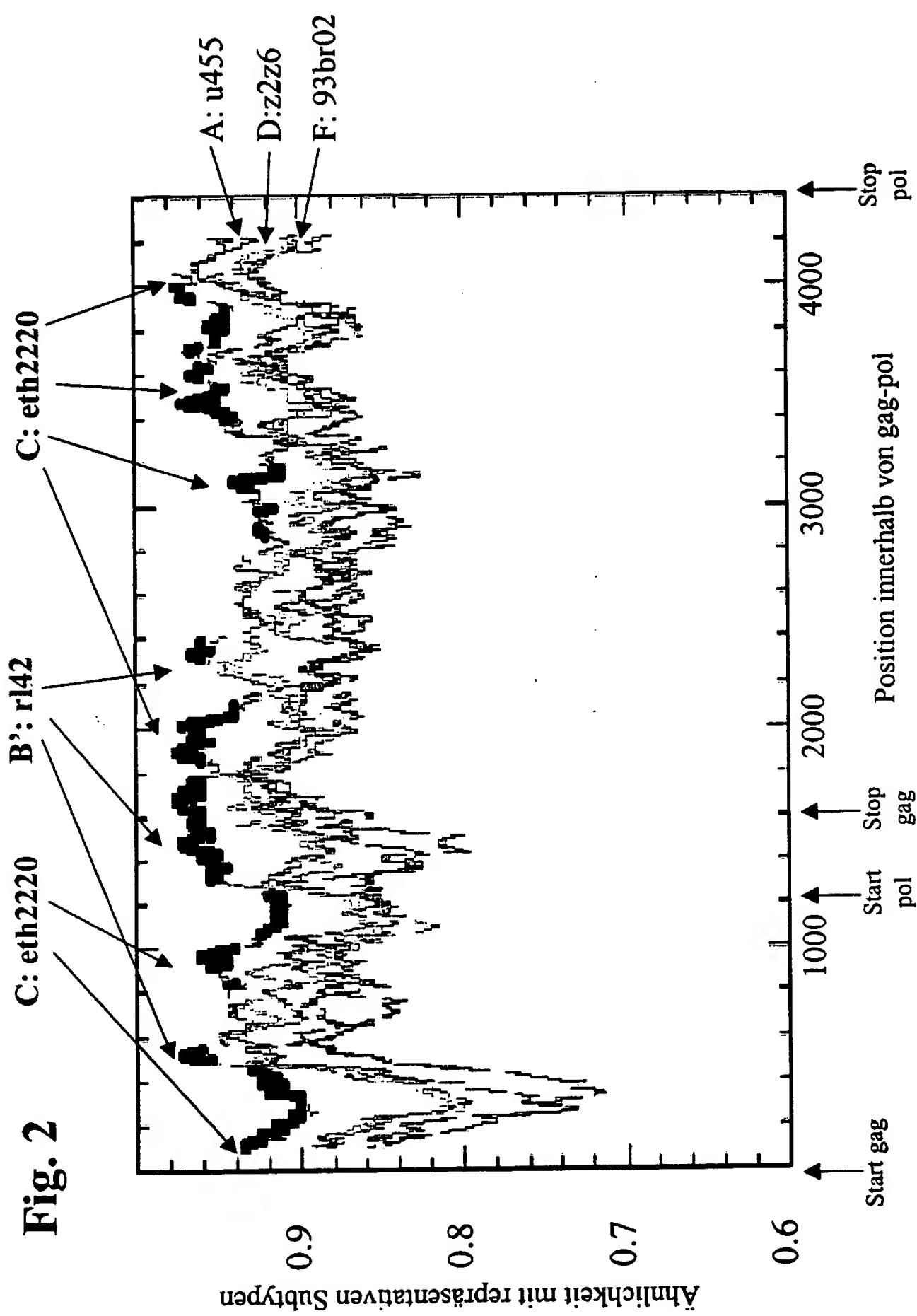
Ansprüche 1 bis 5 zur Herstellung eines Arzneimittels oder Impfstoffs für die Behandlung oder Prävention von HIV-Infektionen.

10. 10. Polypeptid, kodiert von der Nukleotidsequenz oder Fragment oder Derivat der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3.
11. 11. Polypeptid nach Anspruch 10, umfassend eine kontinuierliche Sequenz von von mindestens 8 Aminosäuren, die von der Nukleotidsequenz oder Fragmenten oder Derivaten der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO:1, 2 oder 3 kodiert werden.
12. 12. Polypeptid nach Anspruch 10 oder 11, wobei die Aminosäuresequenz dem HIV-Hüllprotein oder einem Fragment des HIV-Hüllproteins entspricht.
13. 13. Polypeptid nach einem der Ansprüche 10 bis 12, ferner umfassend eine antigene Determinante, die natürlicherweise in Infizierten eine Immunreaktion auslöst.
14. 14. Polypeptid nach Anspruch 13, wobei die antigene Determinante ein Konformations-Epitop oder ein lineares Epitop ist.
- 20 15. 15. Das Polypeptid nach einem der Ansprüche 10 bis 14 als Arzneimittel, Impfstoff oder Diagnostikum.
16. 25. Verwendung des des Polypeptids nach einem der Ansprüche 10 bis 14 zur Herstellung eines Arzneimittels oder Impfstoffs für die Behandlung oder Prävention von HIV-Infektionen.
17. 30 18. Isoliertes Polypeptid spezifisch gegen ein Polypeptid nach einem der Ansprüche 10 bis 14.
19. 30 19. Isoliertes Polypeptid nach Anspruch 17 als Arzneimittel oder Diagnostikum.
- 30 19. Verwendung des isolierten Polypeptids nach Anspruch 17 zur Herstellung eines

Arzneimittels für die Behandlung oder Prävention von HIV-Infektionen.

20. Isoliertes Polypeptid nach Anspruch 17 oder 18 oder die Verwendung des isolierten Polypeptids nach Anspruch 19, wobei das isolierte Polypeptid ein Antikörper ist.

**Fig. 1****Fig. 9**



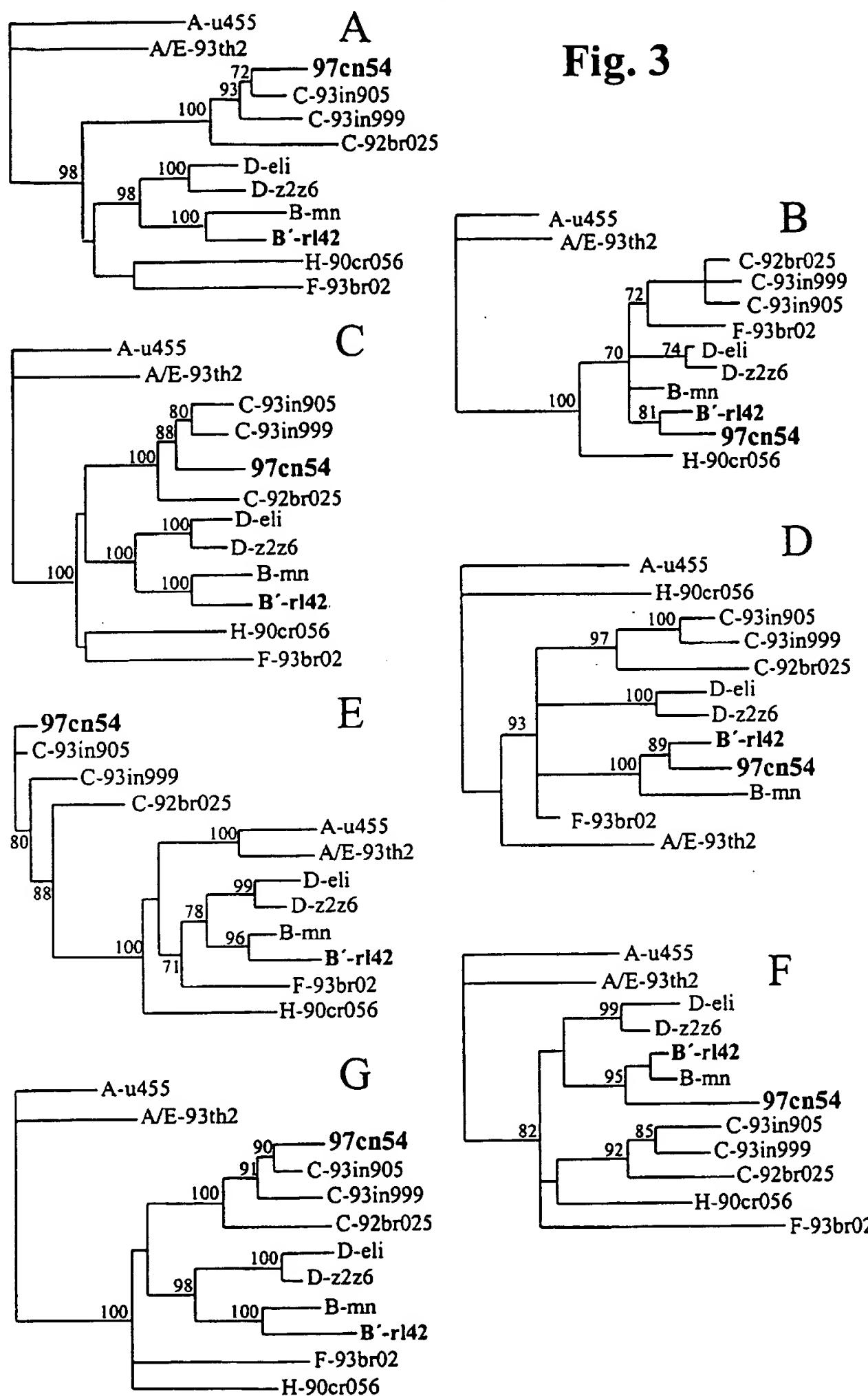
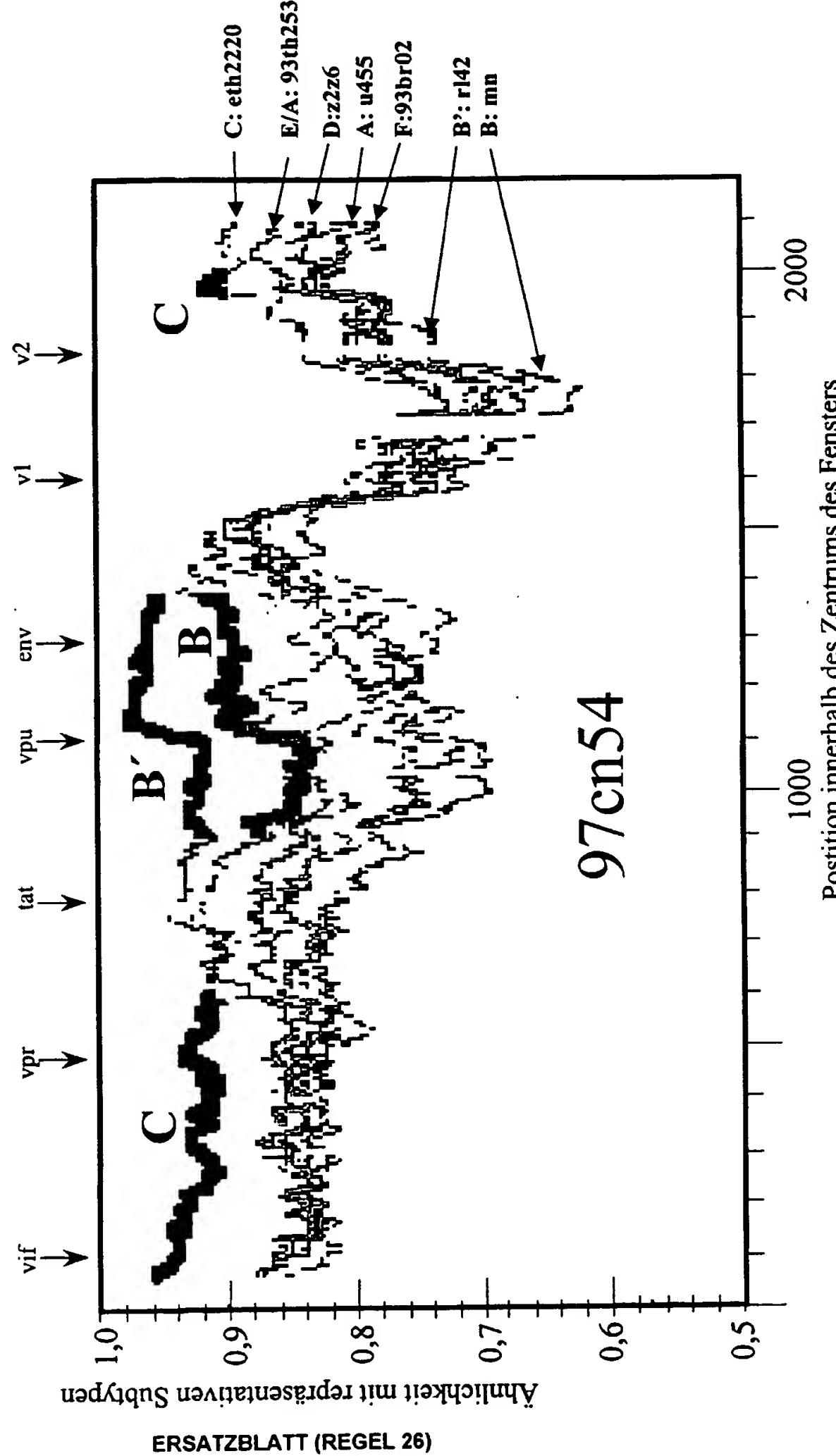
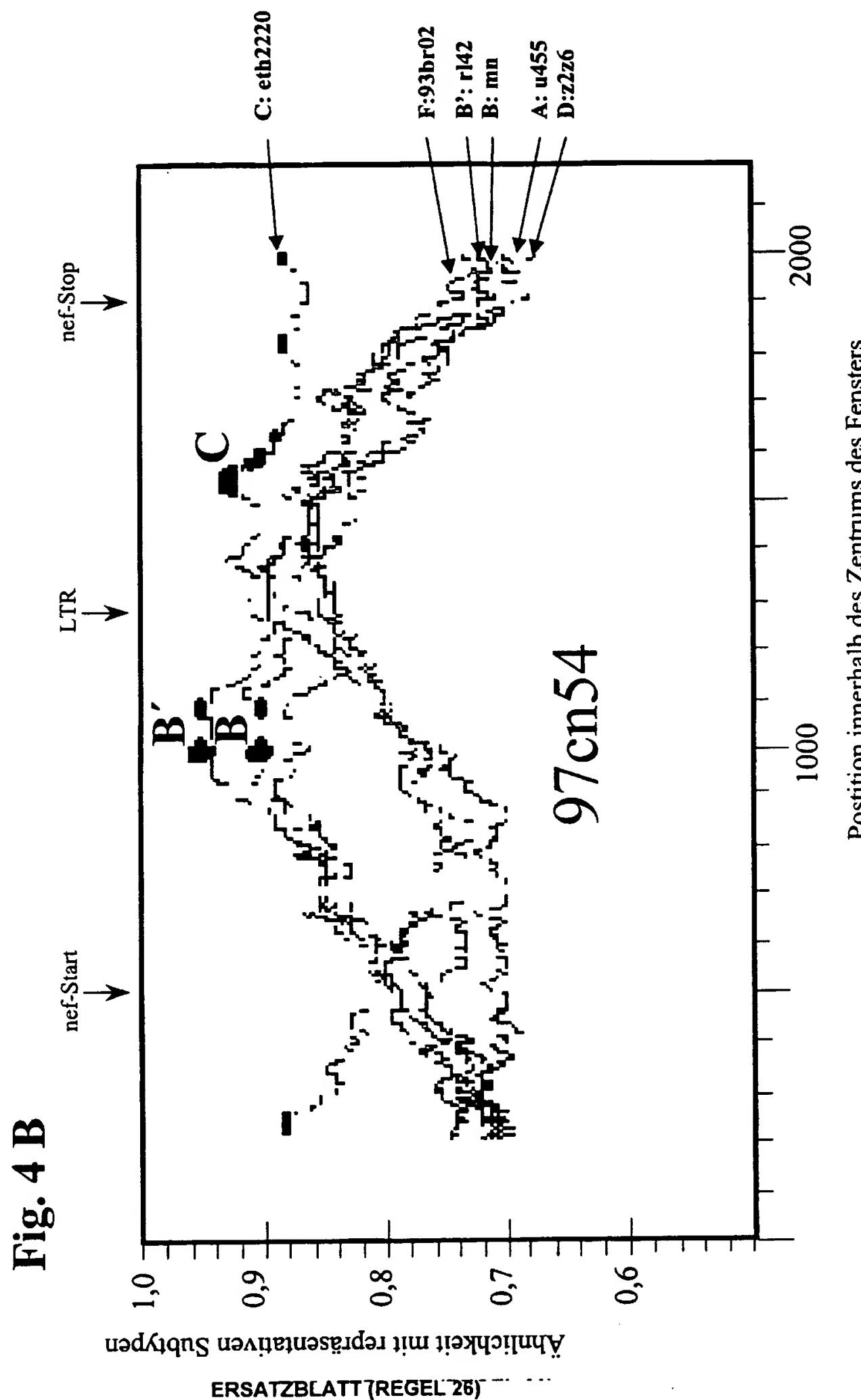
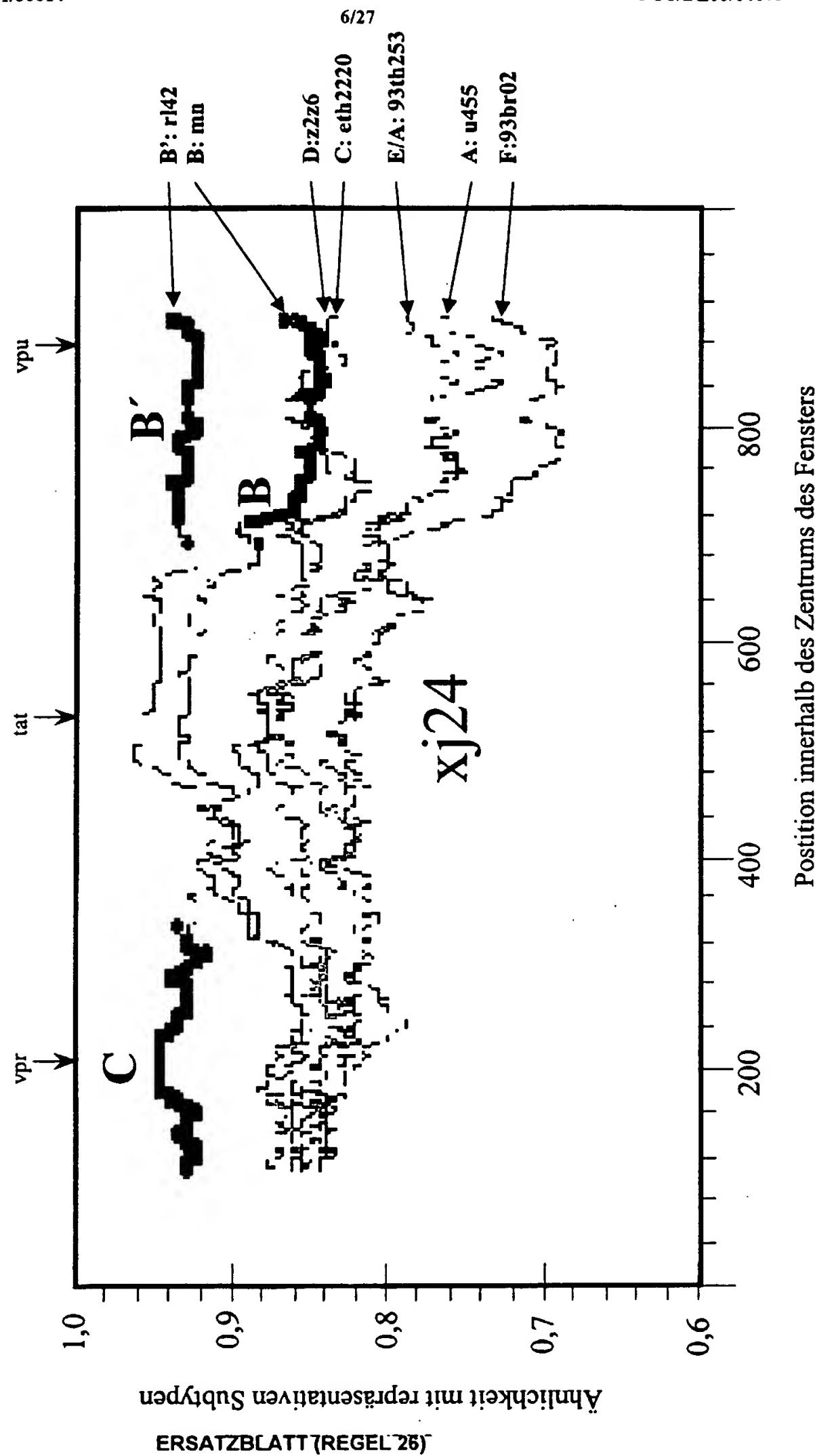


Fig. 3

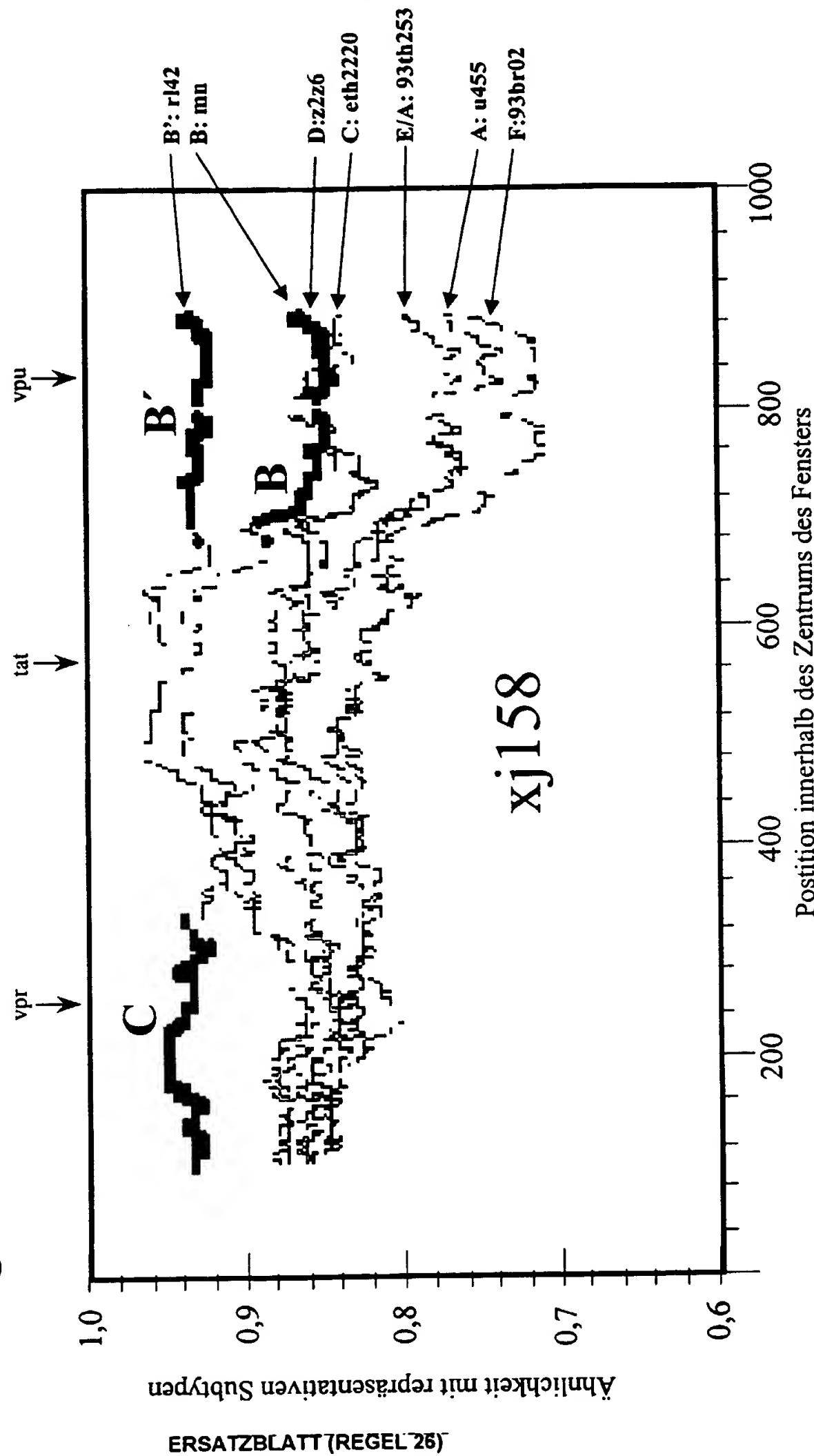
4/27

**Fig. 4 A**



**Fig. 4 C**

7/27

**Fig. 4 D**

5

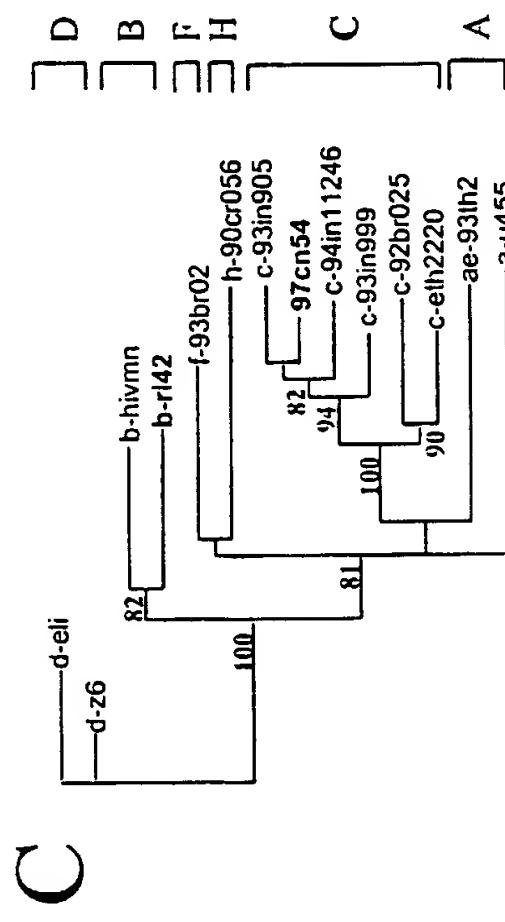
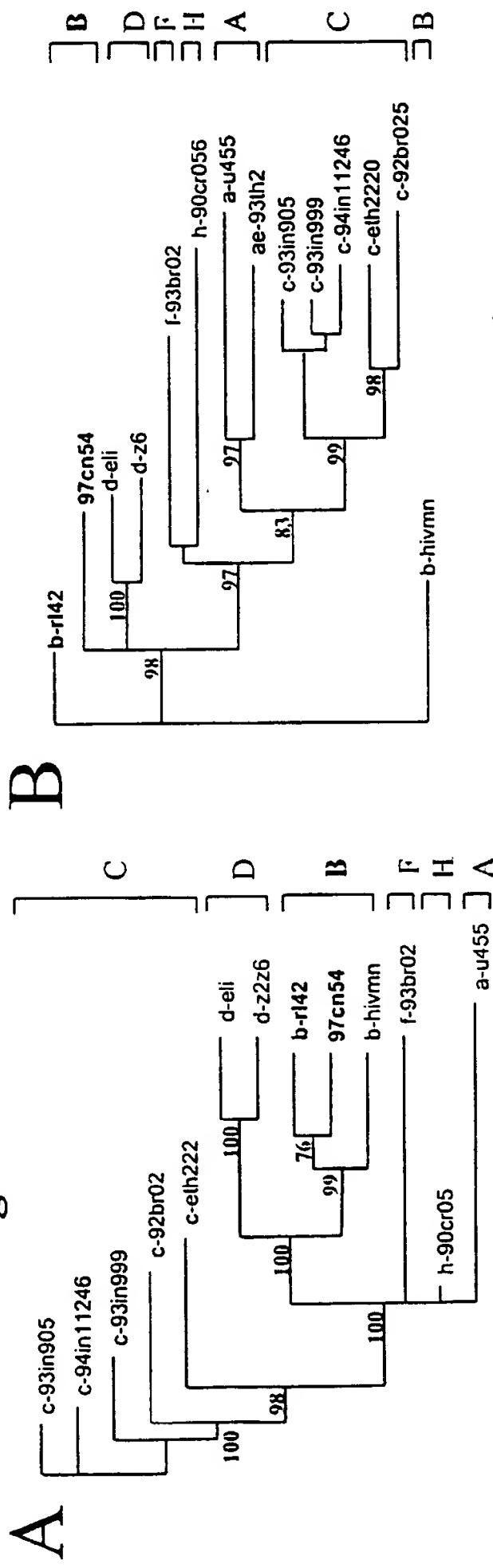
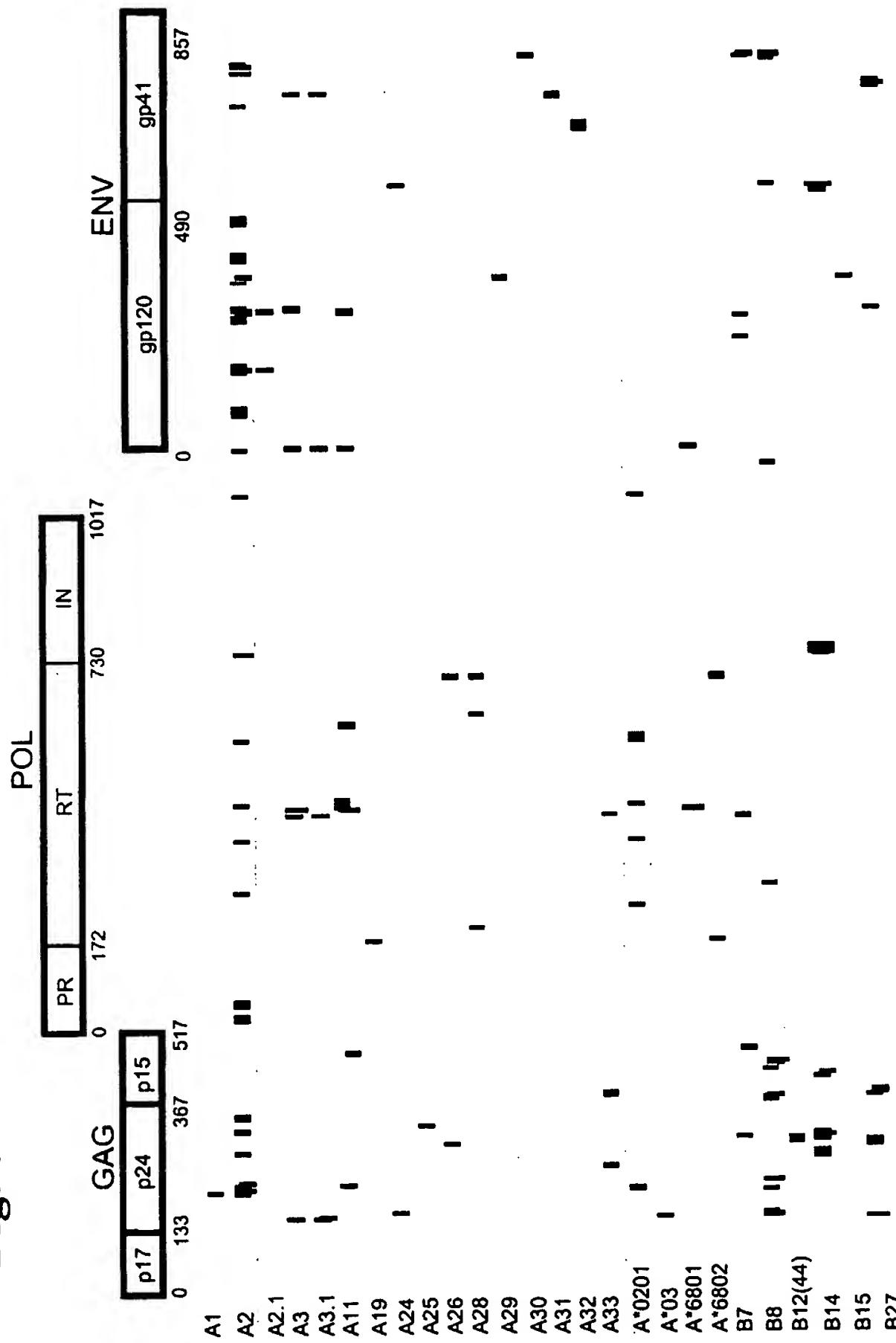
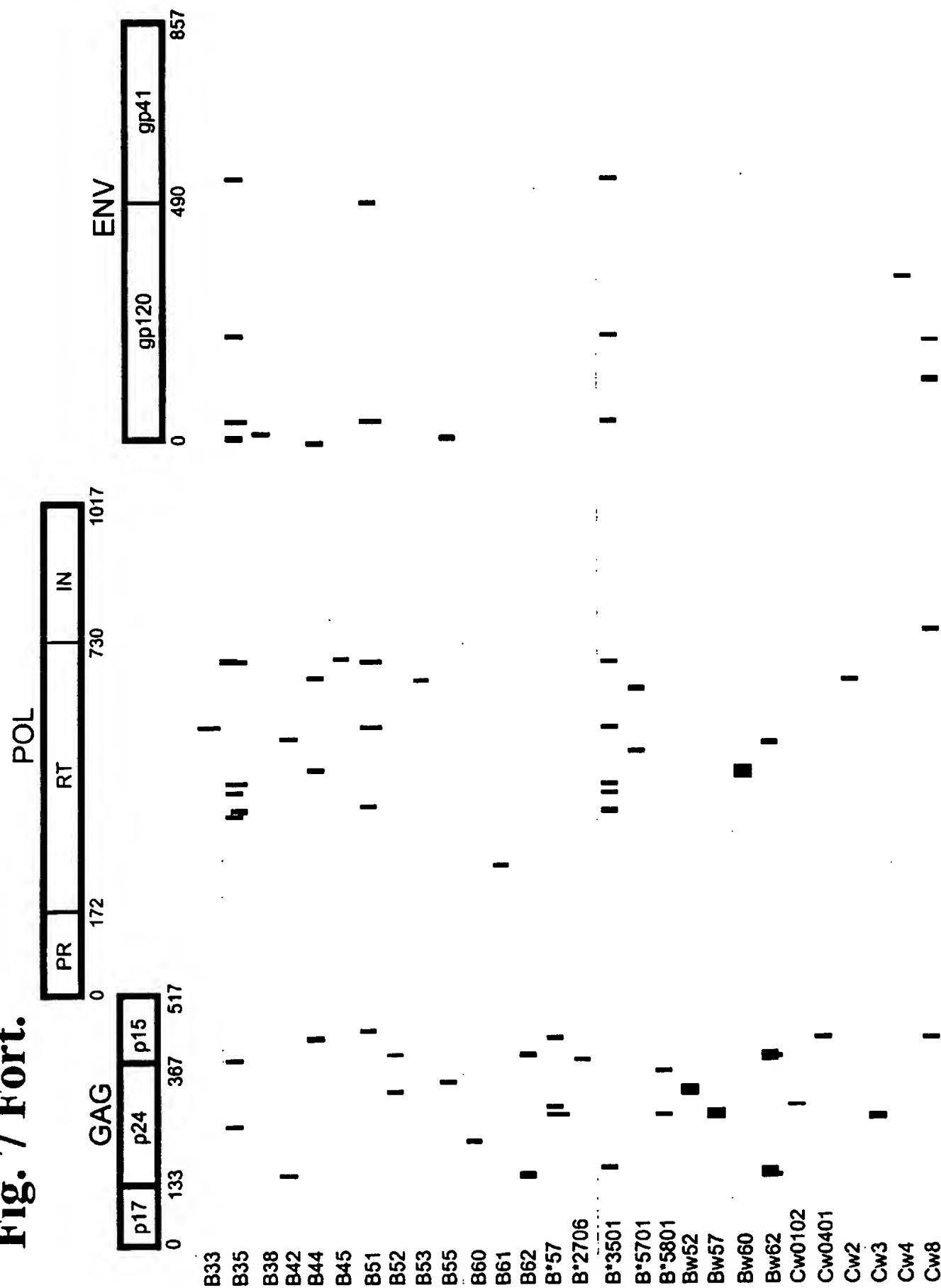


Fig. 6

Mosaikartige Organisation des Genoms von 97cn54



**Fig. 7**

**Fig. 7 Fort.**

12/27

Fig. 8/a

AATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAGTAAGACCAGAGGAGATC  
 1 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 60  
 TTAGAGATCGTCACCGCGGGCTTGTCCCTGAACTTGCCTTCATTCTGGCTCCTCTAG  
 a N L \* Q W R P N R D L K A K V R P E E I -  
 b I S S S G A R T G T \* K R K \* D Q R R S -  
 c S L A V A P E Q G L E S E S K T R G D L -  
  
 TCTCGACGCAGGACTCGGCTTGTGAAGTGCACTCGGCAAGAGGCAGAGCGGGCGACTGG  
 61 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 120  
 AGAGCTGCGTCCTGAGCCGAACGACTTCACGTGAGCCGTTCTCCGCTCTGCCGCTGACC  
 a S R R R T R L A E V H S A R G E S G D W -  
 b L D A G L G L L K C T R Q E A R A A T G -  
 c S T Q D S A C \* S A L G K R R E R R L V -  
  
 TGAGTACGCCAATTATATTGACTAGCGAGGCTAGAAGGAGAGAGATGGGTGCGAGAGC  
 121 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 180  
 ACTCATGCGGTTAATATAAACTGATCGCCTCCGATCTTCCCTCTCTACCCACGCTCTCG  
 a \* V R Q L Y L T S G G \* K E R D G C E S -  
 b E Y A N Y I \* L A E A R R R E M G A R A -  
 c S T P I I F D \* R R L E G E R W V R E R -  
  
 GTCAATATTAAGAGGGGGAAAATTAGATAAAATGGGAAAAAATTAGGTTAAGGCCAGGGGG  
 181 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 240  
 CAGTTATAATTCTCCCCCTTTAATCTATTACCCCTTTAATCCAATTCCGGTCCCCC  
 a V N I K R G K I R \* M G K N \* V K A R G -  
 b S I L R G G K L D K W E K I R L R P G G -  
 c Q Y \* E G E N \* I N G K K L G \* G Q G E -  
  
 AAAGAAACACTATATGCTAAAACACCTAGTATGGCAAGCAGGGAGCTGGAAAGATTG  
 241 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 300  
 TTTCTTGTGATATACGATTTGTGGATCATACCGTTGTCCTCGACCTTTCTAAACG  
 a K E T L Y A K T P S M G K Q G A G K I C -  
 b K K H Y M L K H L V W A S R E L E R F A -  
 c R N T I C \* N T \* Y G Q A G S W K D L H -  
  
 ACTTAACCCCTGGCTTTAGAGACATCAGAAGGCTGAAACAAATAATGAAACAGCTACA  
 301 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 360  
 TGAATTGGGACCGGAAAATCTGTAGTCTCCGACATTGTTATTACTTGTGATGT  
 a T \* P W P F R D I R R L \* T N N E T A T -  
 b L N P G L L E T S E G C K Q I M K Q L Q -  
 c L T L A F \* R H Q K A V N K \* \* N S Y N -  
  
 ATCAGCTTTCAGACAGGAACAGAGGAACCTAGATCATTATTCAACACAGTAGCAACTCC  
 361 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 420  
 TAGTCGAGAAGTCTGCTCTGTCTCCCTGAATCTAGTAATAAGTTGTGTCATGTTGAGG  
 a I S S S D R N R G T \* I I I I Q H S S N S -  
 b S A L Q T G T E E L R S L F N T V A T P -  
 c Q L F R Q E Q R N L D H Y S T Q \* Q L P -  
  
 CTATTGTGTACATACAGAGATAGATGTACGAGACACCAGAGAAGCCTTAGACAAGATAGA  
 421 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 480  
 GATAACACATGTATGTCTCTACATGCTCTGTGGTCTCTCGGAATCTGTTCTATCT  
 a L L C T Y R D R C T R H Q R S L R Q D R -  
 b Y C V H T E I D V R D T R E A L D K I E -  
 c I V Y I Q R \* M Y E T P E K P \* T R \* R -  
  
 GGAAGAACAAAACAAAATTCAACAGCAAAACACAGCAGGCAAAGGAGGCTGACGGAAAGGT  
 481 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 540  
 CCTTCTTGTGTTAAGTCGTTTGTGTCGTCCTCCGACTGCCCTCCA  
 a G R T K Q N S A K N T A G K G G \* R E G -  
 b E E Q N K I Q Q K T Q Q A K E A D G K V -  
 c K N K T K F S K K H S R Q R R L T G R S -

**Fig. 8/b**

CAGTCAAAATTATCCTATACTACAGAATCTCCAAGGGCAATGGTACATCAGCCCATATC  
 541 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 GTCAGTTTAATAGGATATCATGTCTTAGAGGTTCCCGTTTACCATGTAGTCGGGTATAG  
 a Q S K L S Y S T E S P R A N G T S A H I -  
 b S Q N Y P I V Q N L Q G Q M V H Q P I S -  
 c V K I I L \* Y R I S K G K W Y I S P Y H -  
  
 ACCTAGAACTTAAATGCATGGTAAAAGTGGTAGAAGAGAAGGCTTTAGCCCAGAAGT  
 601 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TGGATCTTGAATTTACGTACCCATTTCACCACCTTCTCTTCCGAAAATCGGGTCTCA  
 a T \* N F K C M G K S G R R E G F \* P R S -  
 b P R T L N A W V K V V E E K A F S P E V -  
 c L E L \* M H G \* K W \* K R R L L A Q K \* -  
  
 AATAACCCATGTTTCAGCGTTATCAGAAGGAGCCACCCACAAGATTAAACACCATGCT  
 661 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TTATGGGTACAAAAGTCGCAATAGTCTTCTCGTGGGTGTTCTAAATTTGTGGTACGA  
 a N T H V F S V I R R S H P T R F K H H A -  
 b I P M F S A L S E G A T P Q D L N T M L -  
 c Y P C F Q R Y Q K E P P H K I \* T P C \* -  
  
 AAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCTATGCAAATATTAAAAGATACCATCAATGAAGA  
 721 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TTTGTGTCACCCCCCTGTAGTTCGTCGATACGTTATAATTCTATGGTAGTTACTTCT  
 a K H S G G T S S S Y A N I K R Y H Q \* R -  
 b N T V G G H Q A A M Q I L K D T I N E E -  
 c T Q W G D I K Q L C K Y \* K I P S M K R -  
  
 GGCTGCAGAATGGGATAGATTACATCCAGTACATGCAGGGCTATTGCACCAAGGCCAAT  
 781 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CCGACGTCTTACCCATCTAACATGTTAGGTACGTACGTCCCCGATAACGTGGTCCGGTTA  
 a G C R M G \* I T S S T C R A Y C T R P N -  
 b A A E W D R L H P V H A G P I A P G Q M -  
 c L Q N G I D Y I Q Y M Q G L L H Q A K \* -  
  
 GAGAGAACCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAACACTAGTAACCTACAGGAACAAATAGC  
 841 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CTCTCTGGTCCCTTCACTGTATCGTCTTGATGATCATGGATGTCCTGTTATCG  
 a E R T K G K \* H S R N Y \* \* P T G T N S -  
 b R E P R G S D I A G T T S N L Q E Q I A -  
 c E N Q G E V T \* Q E L L V T Y R N K \* H -  
  
 ATGGATGACGAGTAACCCACCTGTTCCAGTAGGAGACATCTATAAAAGATGGATAATTCT  
 901 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TACCTACTGCTCATGGGTTGGACAAGGTACATCTCTGTAGATATTCTACCTATTAAGA  
 a M D D E \* P T C S S R R H L \* K M D N S -  
 b W M T S N P P V P V G D I Y K R W I I L -  
 c G \* R V T H L F Q \* E T S I K D G \* F W -  
  
 GGGATTAATAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCGCATTCTGGACATAAAACAAGG  
 961 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CCCTAATTATTTATTCATTCTTACATATCGGATGGTCGTAAGACCTGTATTGGTTCC  
 a G I K \* N S K N V \* P Y Q H S G H K T R -  
 b G L N K I V R M Y S P T S I L D I K Q G -  
 c D \* I K \* \* E C I A L P A F W T \* N K G -  
  
 GCCAAAGGAACCCCTTATAGAGACTATGTAGACCGGTTCTTAAACTTAAGAGCGGAACCA  
 1021 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CGGTTTCTGGAAATCTCTGATACATCTGGCCAAGAAATTCTCGCCCTTGT  
 a A K G T L \* R L C R P V L \* N F K S G T -  
 b P K E P F R D Y V D R F F K T L R A E Q -  
 c Q R N P L E T M \* T G S L K L \* E R N K -  
  
 AGCTACGCAAGGTGTAAAAAATTGGATGACAGACACCTTGTGGTCCAAATGCGAACCC  
 1081 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TCGATGCGTCCACATTTTAACCTACTGTCTGTGGAACACACCAGGTTTACGCTTGGG  
 a S Y A R C K K L D D R H L V G P K C E P -  
 b A T Q G V K N W M T D T L L V Q N A N P -  
 c L R K V \* K I G \* Q T P C W S K M R T Q -

Fig. 8/c

AGATTGTAAGACCATTTAAGAGCATTAGGACCAGGGGCTTCAATAGAAGAAATGATGAC  
 1141 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1200  
 TCTAACATTCTGGTAAAATTCTCGTAATCCTGGTCCCCGAAGTTATCTTCTTTACTACTG  
 a R L \* D H F K S I R T R G F N R R N D D -  
 b D C K T I L R A L G P G A S I E E M M T -  
 c I V R P F \* E H \* D Q G L Q \* K K \* \* Q -  
  
 AGCATGTCAGGGAGTGGGAGGACCTAGCCATAAAGCAAAAGTGTGGCCGAGGCAATGAG  
 1201 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1260  
 TCGTACAGTCCCTCACCCCTCGGATCGGTATTCGTTTCACAACCGGCTCCGTTACTC  
 a S M S G S G R T \* P \* S K S V G R G N E -  
 b A C Q G V G G P S H K A K V L A E A M S -  
 c H V R E W E D L A I K Q K C W P R Q \* A -  
  
 CCAAACAAACAGTGCCATACTGATGCAGAGAAGCAATTAAAGGCTCTAAAAGAATTGT  
 1261 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1320  
 GGTTTGTGTCACGGTATGACTACGTCTTCGTTAAAATTCCGAGATTTCTTAACA  
 a P N K Q C H T D A E K Q F \* R L \* K N C -  
 b Q T N S A I L M Q R S N F K G S K R I V -  
 c K Q T V P Y \* C R E A I L K A L K E L L -  
 TAAATGTTCAACTGTGGCAAGGAAGGGCACATAGCCAGAAATTGCAAGGGCCCCTAGGAA  
 1321 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1380  
 ATTTACAAAGTTGACACCGTCTCCCGTGTATCGGTCTTAACTGTCGGGGATCCTT  
 a \* M F Q L W Q G R A H S Q K L Q G P \* E -  
 b K C F N C G K E G H I A R N C R A P R K -  
 c N V S T V A R K G T \* P E I A G P L G K -  
  
 AAAGGGCTGTTGAAATGTGGAAAAGAAGGACACCAAATGAAAGATTGACTGAGAGACA  
 1381 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1440  
 TTTCCCGACAACCTTACACCTTTCTCCTGTGGTTACTTCTAACATGACTCTCTGT  
 a K G L L E M W K R R T P N E R L Y \* E T -  
 b K G C W K C G K E G H Q M K D C T E R Q -  
 c R A V G N V E K K D T K \* K I V L R D R -  
  
 GGCCAATTAGGAAAATCTGGCCCTCCCACAAGGGAGGCCAGGGAAATTCTTCA  
 1441 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1500  
 CCGGTTAAAAAAATCCCTTTAGACCGGGAGGGTGTCCCTCCCGTCCCTAAAAGAAGT  
 a G Q F F R E N L A L P Q G R A R E F S S -  
 b A N F L G K I W P S H K G G P G N F L Q -  
 c P I F \* G K S G P P T R E G Q G I F F R -  
  
 GAACAGACCAGAGCCAACAGCCCCACCAAGAGGAGAGCTTCAGGTTGgGGAAGAGACAAC  
 1501 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1560  
 CTTGTCTGGTCTCGGTTGTCGGGTGGCTCCTCTCGAAGTCAAACCCCTCTGTGTTG  
 a E Q T R A N S P T R G E L Q V W G R D N -  
 b N R P E P T A P P E E S F R F G E E T T -  
 c T D Q S Q Q P H Q R R A S G L G K R Q Q -  
  
 AACTCCATCTCAGAACAGGAGCCAATAGACAAGGAACATATCCTTAACTTCCCTCAA  
 1561 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1620  
 TTGAGGTAGAGTCTCGTCTCGGTTATGTTCTGATATAGGAAATTGAAGGGAGTT  
 a N S I S E A G A N R Q G T I S F N F P Q -  
 b T P S Q K Q B P I D K E L Y P L T S L K -  
 c L H L R S R S Q \* T R N Y I L \* L P S N -  
  
 ATCACTCTTGGCAACGACCCCTCGTCACAATAAGATAGGGGGCAATTAAAGGAAGCT  
 1621 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1680  
 TAGTGAGAAACCGTTGCTGGGAGCAGTGTATTCGTTATCCCCCGTTAATTCTCGA  
 a I T L W Q R P L V T I K I G G Q L K E A -  
 b S L F G N D P S S Q \* R \* G G N \* R K L -  
 c H S L A T T P R H N K D R G A I K G S S -  
  
 CTATTAGATAAGGAGCAGGTGATAAGTATTAGAAGACCTGAATTGCAAGGGAAATGG  
 1681 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1740  
 GATAATCTATGTCTCGTCCACTATGTCATAATCTCTGGACTTAAACGGTCCCTTAC  
 a L L D T G A G D T V L E D L N L P G K W -  
 b Y \* I Q E Q V I Q Y \* K T \* I C Q G N G -  
 c I R Y R S R \* Y S I R R P E F A R E M E -

**Fig. 8/d**

AAACCAAAAATGATAAGGGGAATTGGAGGTTTATCAAAGTAAGACAGTATGAACAGATA  
 1741 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1800  
 TTTGGTTTTACTATCCCCCTTAACCTCCAAAATAGTTCATCTGTCTACTTGTCAT  
 a K P K M I G G I G G F I K V R Q Y E Q I -  
 b N Q K \* \* G E L E V L S K \* D S M N R Y -  
 c T K N D R G N W R F Y Q S K T V \* T D T -  
  
 CCCATAGAAATTGCGGACACAAAGCTATAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTC  
 1801 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1860  
 GGGTATCTTAAACGCCGTGTTGATATCCATGTCTATAATCATCCTGGATGTGGACAG  
 a P I E I C G H K A I G T V L V G P T P V -  
 b P \* K F A D T K L \* V Q Y \* \* D L H L S -  
 c H R N L R T Q S Y R Y S I S R T Y T C Q -  
  
 AACATAATTGGAAGAAATCTGTTGACTCAGCTGGTTGCACTTTAAATTCCAATCACT  
 1861 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1920  
 TTGTATTAACCTTCTTAGACAACGTGAGTCGAACCAACGTGAAATTAAAAGGTTAGTCA  
 a N I I G R N L L T Q L G C T L N F P I S -  
 b T \* L E E I C \* L S L V A L \* I F Q S V -  
 c H N W K K S V D S A W L H F K F S N Q S -  
  
 CCCATTGAAACTGTACCACTAAAGCCAGGAATGGATGCCAAAGGTTAACAA  
 1921 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 1980  
 GGGTAACCTTGACATGGTCATTTAATTGCGTCCTTACCTACCGGGTTCCAATTGTT  
 a P I E T V P V K L K P G M D G P K V K Q -  
 b P L K L Y Q \* N \* S Q E W M A Q R L N N -  
 c H \* N C T S K I K A R N G W P K G \* T M -  
  
 TGGCCATTGACAGAAGAGAAAATAAGCATTAAACAGCAATTGATGAAATGGAGAAA  
 1981 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2040  
 ACCGGTAACTGTCCTCTCTTTATTTCGTAATTGCGTTAAACACTACTTACCTCTT  
 a W P L T E E K I K A L T A I C D E M E K -  
 b G H \* Q K R K \* K H \* Q Q F V M K W R K -  
 c A I D R R E N K S I N S N L \* \* N G E R -  
  
 GAAGGAAAAATTACAAAAATTGGCCTGAAATCCATATAACACTCCAATATTGCCATA  
 2041 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2100  
 CTTCCTTTTAATGTTTTAACCCGGACTTTAGGTATATTGAGGTATAAACGGTAT  
 a E G K I T K I G P E N P Y N T P I F A I -  
 b K E K L Q K L G L K I H I T L Q Y L P \* -  
 c R K N Y K N W A \* K S I \* H S N I C H K -  
  
 AAAAGAAGGACAGTACTAAGTGGAGAAAGTTAGATTCAGGGACTCAATAAAAGA  
 2101 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2160  
 TTTTCTCCTGTCATGATTACCTCTTCATCTAAAGTCCCTGAGTTATTCT  
 a K K K D S T K W R K L V D F R E L N K R -  
 b K R R T V L S G E S \* \* I S G N S I K E -  
 c K E G Q Y \* V E K V S R F Q G T Q \* K N -  
  
 ACTCAAGATTTGGAAAGTCAATTAGGAATACCAACACCCAGCAGGGTTAAAAAGAAA  
 2161 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2220  
 TGAGTTCTAAAAACCTTCAGTTAATCCTTATGGTGTGGTCCGTCCTTCAATTCTT  
 a T Q D F W E V Q L G I P H P A G L K K K -  
 b L K I F G K F N \* E Y H T Q Q G \* K R K -  
 c S R F L G S S I R N T T P S R V K K E K -  
  
 AAATCAGTGACAGTACTGGATGTGGGGATGCATATTTCATTCCTTATATGAAGAC  
 2221 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2280  
 TTTAGTCAGTGTCTGACCTACACCCCTACGTATAAAAAGTTAAGGAAATATACTCTG  
 a K S V T V L D V G D A Y F S I P L Y E D -  
 b N Q \* Q Y W M W G M H I F Q F L Y M K T -  
 c I S D S T G C G G C I F F N S F I \* R L -  
  
 TTCAGGAAGTATACTGCATTACCACTAGTAGAAACAATGAAACACCAGGGATTAGG  
 2281 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 2340  
 AAGTCCTTCATATGACGTAAGTGGTATGGATCATCTTGTGGTCCCTAATCC  
 a F R K Y T A F T I P S R N N E T P G I R -  
 b S G S I L H S P Y L V E T M K H Q G L G -  
 c Q E V Y C I H H T \* \* K Q \* N T R D \* V -

**Fig. 8/e**

Fig. 8/f

GAACCATTCAAAAATCTAAAACAGGGAAAGTATGCAAAATGAGGACTGCCACACTAAT  
 2941 CTTGGTAAGTTTTAGATTTGTCCCTCATACGTTTACTCCTGACGGGTGTGATTA  
 a E P F K N L K T G K Y A K M R T A H T N -  
 b N H S K I \* K Q G S M Q K \* G L P T L M -  
 c T I Q K S K N R E V C K N E D C P H \* \*  
  
 GATGTAACAAATTAAACAGAGGCTGTGCAGAAAATGCCATGGAAGGCATACTAATATGG  
 3001 CTACATTTGTTAATTGTCCTCGACACGTCTTTATCGGTACCTTCCGTATCATTATACC  
 a D V K Q L T E A V Q K I A M E G I V I W -  
 b M \* N N \* Q R L C R K \* P W K A \* \* Y G -  
 c C K T I N R G C A E N S H G R H S N M G -  
  
 GGAAAAACTCTAAATTAGATTACCCATCCAAAAGAACATGGGAGACATGGTGGACA  
 3061 CCTTTTGAGGATTAAATCTAATGGTAGGTTTCTTTGTACCCCTGTACCAACCTGT  
 a G K T P K F R L P I Q K E T W E T W W T -  
 b E K L L N L D Y P S K K K H G R H G G Q -  
 c K N S \* I \* I T H P K R N M G D M V D R -  
  
 GACTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTGAGTGGAAATTGTTAACCCCTCCCTTAGTA  
 3121 CTGATAACCGTTCGGTGGACCTAAGGACTCACCTTAAACAATTATGGGAGGGAAATCAT  
 a D Y W Q A T W I P E W E F V N T P P L V -  
 b T I G K P P G F L S G N L L I P L P \* \* -  
 c L L A S H L D S \* V G I C \* Y P S L S K -  
  
 AAATTATGGTACCAGCTGGAAAAGATCCCATACTAGTAGGAGTAGAAACTTCTATGTAGAT  
 3181 TTTAATACCATGGTCGACCTTTCTAGGTATCATCCTCATCTTGAAGATACTA  
 a K L W Y Q L E K D P I V G V E T F Y V D -  
 b N Y G T S W K K I P \* \* E \* K L S M \* M -  
 c I M V P A G K R S H S R S R N F L C R W -  
  
 GGAGCAGCTAATAGGGAGACTAAAATAGGAAAAGCAGGGTATGTTACTGACAGAGGAAGG  
 3241 CCTCGTCGATTATCCCTCTGATTTATCCTTTCTGTCCTACAAATGACTGTCTCCTTC  
 a G A A N R E T K I G K A G Y V T D R G R -  
 b E Q L I G R L K \* E K Q G M L L T E E G -  
 c S S \* \* G D \* N R K S R V C Y \* Q R K E -  
  
 AAGAAAATTGTTCTACTGAAACAACAAATCAGAAGACTGAATTGCAAGCAATTG  
 3301 TTCTTTAACAAAGAGATTGACTTTGTGTTAGTCTCTGACTAACGTTGTTAACAA  
 a K K I V S L T E T T N Q K T E L Q A I C -  
 b R K L F L \* L K Q Q I R R L N C K Q F V -  
 c E N C F S N \* N N K S E D \* I A S N L Y -  
  
 ATAGCTTGCAAGATTCAAGGATCAGAAGTAAACATAGTAACAGATTACAGTATGCATTA  
 3361 TATCGAAACGTTCTAAGTCTAGTCTCATTGTATCATTGCTAACTGTCATACGTAAT  
 a I A L Q D S G S E V N I V T D S Q Y A L -  
 b \* L C K I Q D Q K \* T \* \* Q I H S M H \* -  
 c S F A R F R I R S K H S N R F T V C I R -  
  
 GGGATCATTCAAGCACAAACAGATAAGAGTGAATCAGAGTTAGTTAACCAAATAAGAA  
 3421 CCCTAGTAAGTTCGTGTTGGTCTATTCTCACTTAGTCTCAATCAATTGGTTATTATCTT  
 a G I I Q A Q P D K S E S E L V N Q I I E -  
 b G S F K H N Q I R V N Q S \* L T K \* \* N -  
 c D H S S T T R \* E \* I R V S \* P N N R T -  
  
 CAATTAATGAAAAAGGAAAGAGTCTACCTGTCATGGTACCGCACATAAGGAATTGGA  
 3481 GTTAATTACTTTCTCTTCACTAGGGACAGTACCCATGGTCTGTTATTCTAACCT  
 a Q L M K K E R V Y L S W V P A H K G I G -  
 b N \* \* K R K E S T C H G Y Q H I K E L E -  
 c I N E K G K S L P V M G T S T \* R N W R -

18/27

**Fig. 8/g**

Fig. 8/h

AATTTTAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGTACAGTCAGGGAAAGAATAATAGATATA  
 4141 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4200  
 TTAATTTCTTCCCCCTAACCCCCCATGTCACGTCCCTTCTTATTATCTATAT  
 N F K R K G G I G G Y S A G E R I I D I -  
 I L K E K G G L G G T V Q G K E \* \* I \* -  
 F \* K K R G D W G V Q C R G K N N R Y N -  
  
 ATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAGATTACAAAATTCAAATT  
 4201 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4260  
 TATCGTTGTCGTATGTTGATTCTTAATGTTTTGCTAATGTTTTAAGTTTAAAG  
 I A T D I Q T K E L Q K Q I T K I Q N F -  
 \* Q Q T Y K L K N Y K N R L Q K F K I F -  
 S N R H T N \* R I T K T D Y K N S K F S -  
  
 CGGGTTTATTACAGAGACAGCAGAGACCCCAGTGGAAAGGACCAGCCAAACTACTCTGG  
 4261 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4320  
 GCCCAAATAATGTCCTGTCGTCTGGGTCAACCTTCTGGTCGGTTGATGAGACC  
 R V Y Y R D S R D P S W K G P A K L L W -  
 G F I T E T A E T P V G K D Q P N Y S G -  
 G L L Q R Q Q R P Q L E R T S Q T T L E -  
  
 AAAGGTGAAGGGCAGTAATAATACAAGATAATAGTGACATAAAGGTAGTACCAAGGAGG  
 4321 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4380  
 TTTCCACTCCCCGTCAATTATGTTCTATTATCACTGTATTCCATCATGGTCCCTCC  
 K G E G A V I I Q D N S D I K V V P R R -  
 K V K G Q \* \* Y K I I V T \* R \* Y Q G G -  
 R \* R G S N N T R \* \* \* H K G S T K E E -  
  
 AAAGCAAAATCATTAAGGACTATGAAAACAGATGCCAGGTGCTGATTGTGTCAGGT  
 4381 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4440  
 TTTCGTTTTAGTAATTCTGATACCTTTGCTACCGTCCACGACTAACACACCGTCCA  
 K A K I I K D Y G K Q M A G A D C V A G -  
 K Q K S L R T M E N R W Q V L I V W Q V -  
 S K N H \* G L W K T D G R C \* L C G R \* -  
  
 AGACAGGATGAAGATTAGAACATGGAATAGTTAGTAAAACACCATATGTATGTTCAAG  
 4441 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4500  
 TCTGCTCTACTCTAACCTGTACCTTATCAAATCATTGTTGGTATAACATAACAAAGTTC  
 R Q D E D \* N M E \* F S K T P Y V C F K -  
 D R M K I R T W N S L V K H H M Y V S R -  
 T G \* R L E H G I V \* \* N T I C M F Q G -  
  
 GAGAGCTAATGGATGGTTTACAGACATCATTATGACAGCAGACATCCAAAAGTAAGTTC  
 4501 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4560  
 CTCTCGATTACCTACCAAAATGTCGTAGTAATACTGTCGTCTGTTAGGTTTCAAG  
 E S \* W M V L Q T S L \* Q Q T S K S K F -  
 R A N G W F Y R H H Y D S R H P K V S S -  
 E L M D G F T D I I M T A D I Q K \* V Q -  
  
 AGAAGTACACATCCCATTAGGAAAGGCTAAATTAGTAATAAAACATATTGGGGTTGCA  
 4561 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4620  
 TCTTCATGTTAGGTAATCCTTCCGATTAACTCATTATTGTTGTTAGGTTTCAAG  
 R S T H P I R K G \* I S N K N I L G V A -  
 E V H I P L G K A K L V I K T Y W G L Q -  
 K Y T S H \* E R L N \* \* \* K H I G G C R -  
  
 GACAGGAGAAAGAGATCGGCATTGGGTATGGAGTCCTCATAGAATGGAGATTGAGAAG  
 4621 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4680  
 CTGTCCTCTTCTTAGCGTAAACCCAGTACCTCAGAGGTATCTTACCTCTAACCTTC  
 D R R K R S A F G S W S L H R M E I E K -  
 T G E R D R H L G H G V S I E W R L R R -  
 Q E K E I G I W V M E S P \* N G D \* E D -  
  
 ATATACCACACAAATAGAACCTGGCTGGCAGACCAAGCTAATTGTTATTATTTGA  
 4681 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4740  
 TATATGGTGTGTTATCTGGACCGGACCGTCTGGTCGATTAAGTAAACATAATAAAACT  
 I Y H T N R T W P G R P A N S F V L F \* -  
 Y T T Q I E P G L A D Q L I H L Y Y F D -  
 I P H K \* N L A W Q T S \* F I C I I L I -

**Fig. 8/i**

TTGTTTGCAGACTCTGATATAAGGAAAGCCATATTAGGACACATAGTTATTCTTAGGTG  
 4741 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4800  
 AACAAAACGTCTGAGACTATATTCTTCGGTATAATCCTGTGTATCAATAAGGATCCAC  
 a L F C R L \* Y K E S H I R T H S Y S \* V -  
 b C F A D S D I R K A I L G H I V I P R C -  
 c V L Q T L I \* G K P Y \* D T \* L F L G V -  
  
 TGACTATCAAGCAGGACATAATAAGGTAGGATCTCTACAATAACTTGGCACTGACAGC  
 4801 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4860  
 ACTGATAGTTCGTCCTGTATTATTATTCCATCCTAGAGATGTTATGAACCGTGACTGTCG  
 a \* L S S R T \* \* \* G R I S T I L G T D S -  
 b D Y Q A G H N N K V G S L Q Y L A L T A -  
 c T I K Q D I I I R \* D L Y N T W H \* Q H -  
  
 ATTGATAAAACCAAAAAAGATAAAAGCCACCTCTGCCTAGTATCAAGAAATTAGTAGAGGA  
 4861 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4920  
 TAACTATTTGGTTTTCTATTTGGTGGAGACGGATCATAGTTCTTAATCATCTCCT  
 a I D K T K K D K A T S A \* Y Q E I S R G -  
 b L I K P K K I K P P L P S I K K L V E D -  
 c \* \* N Q K R \* S H L C L V S R N \* \* R I -  
  
 TAGATGGAACAATCCCCAGGGAGATCAGGGGCCGAGAGGAACCACACAATGAATGGACA  
 4921 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 4980  
 ATCTACCTTGTAGGGGTCTCTAGTCCCCGGCGTCTCCCTGGTGTACTTACCTGT  
 a \* M E Q S P G D Q G P Q R E P H N E W T -  
 b R W N N P Q E I R G R R G N H T M N G H -  
 c D G T I P R R S G A A E G T T Q \* M D T -  
  
 CTAGAGCTTAGAGGAGCTAAGCAGGAAGCTTAGACACTTCTAGACCATGGCTT  
 4981 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 5040  
 GATCTCGAAGATCTCCTCGAGTTCGTCTCGACAATCTGTGAAAGGATCTGGTACCGAA  
 a L E L L E E L K Q E A V R H F P R P W L -  
 b \* S F \* R S S S R K L L D T F L D H G F -  
 c R A S R G A Q A G S C \* T L S \* T M A S -  
  
 CATAGCTTAGGACAACATATCTATGAAACATATGGGATACTGGGCAGGAGTGGAGCC  
 5041 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 5100  
 GTATCGAACCTGTTGTATAGATACTTGTATACCCCTATGAACCGTCCTCACCTCGG  
 a H S L G Q H I Y E T Y G D T W A G V E A -  
 b I A \* D N I S M K H M G I L G Q E W K P -  
 c \* L R T T Y L \* N I W G Y L G R S G S H -  
  
 ATAATAAGAATTCTGCAACAATGCTGTTATTCTATTCAGAATTGGGTGTCAGCATAGC  
 5101 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 5160  
 TATTATTCTTAAGACGTTGTGACGACAAATAAGTAAAGTCTAACCCACAGTCGTATCG  
 a I I R I L Q Q L L F I H F R I G C Q H S -  
 b \* \* E F C N N C C L F I S E L G V S I A -  
 c N K N S A T T A V Y S F Q N W V S A \* Q -  
  
 AGAATAGGCATTTGAGACAGAGAAGAACAGAAATGGAGCCAGTAAATCATAAATTAGA  
 5161 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 5220  
 TCTTATCCGTAAAACCTCTGCTCTTGTCTTACCTCGGTCTTACCTCGGTCTTACCTCGT  
 a R I G I L R Q R R T R N G A S K S \* I R -  
 b E \* A F \* D R E E Q E M E P V N H K L E -  
 c N R H F E T E K N K K W S Q \* I I N \* S -  
  
 GCCTTGGGAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAGACTGCTTGTAAAGTTGCTATTGTAAAAA  
 5221 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+ 5280  
 CGGAACCCCTCGTAGGTCTTCAGTCGGATTCTGACGAACATTGTCAACGATAACATT  
 a A L G A S R K S A \* D C L \* Q L L L \* K -  
 b P W E H P G S Q P K T A C N S C Y C K K -  
 c L G S I Q E V S L R L L V T V A I V K S -

**Fig. 8/j**

GTGCTGCTTCATTGCCAAGTTGTTCACGAAAAAAGGCTTAGGCATCTTCTATGGCAG 5340  
 5281 -----+-----+-----+-----+-----+  
 CACGACGAAAGTAACGGTTCAAACAAAGTGCTTTCCGAATCCGTAGAAGATACCGTC  
 a V L L S L P S L F H E K R L R H L L W Q -  
 b C C F H C Q V C F T K K G L G I F Y G R -  
 c A A F I A K F V S R K K A \* A S S M A G -  
  
 GAAGAAGCGAAGACAGCGACGAAGCGCTCATCGAACAGCAGTGAGGATCATCAAATCCTAT 5400  
 5341 -----+-----+-----+-----+-----+  
 CTTCTTCGCTTCTGCGCTCGCGAGTAGCTTCGTCACTCCTAGTAGTTTAGGATA  
 a E E A K T A T K R S S K Q \* G S S K S Y -  
 b K K R R Q R R S A H R S S E D H Q N P I -  
 c R S E D S D E A L I E A V R I I K I L Y -  
  
 ATCAAAGCAGTAAGTAGTAAATGAAATGCAAGCTTAACCATTAGCAATAGTAGCCTT 5460  
 5401 -----+-----+-----+-----+-----+  
 TAGTTTCGTCAATTACATCATTACATTACGTTCGAAATTGGTAAAATCGTTATCATCGGAA  
 a I K A V S S K C N A S F N H F S N S S L -  
 b S K Q \* V V N V M Q A L T I L A I V A L -  
 c Q S S K \* \* M \* C K L \* P F \* Q \* \* P \* -  
  
 ACTAGTAGCAACAATAATAGCAATAGTTGTTGGACCATAGTATTCAAGAATATAGGAA 5520  
 5461 -----+-----+-----+-----+-----+  
 TCATCATCGTTGTTATTATCGTTATCAACACACCTGGTATCATAAGTATCTTATATCCTT  
 a S S S N N N S N S C V D H S I H R I \* E -  
 b V V A T I I A I V V W T I V F I E Y R K -  
 c \* \* Q Q \* \* Q \* L C G P \* Y S \* N I G K -  
  
 AATATTAAGACAGAAAAAAATAGACAGGTTAATTGATAGAATAAGAGAAAGAGCAGAAGA 5580  
 5521 -----+-----+-----+-----+-----+  
 TTATAATTCTGTCTTTTTATCTGTCCAATTAACTATCTTATTCTCTTCTCGTCTTCT  
 a N I K T E K N R Q V N \* \* N K R K S R R -  
 b I L R Q K K I D R L I D R I R E R A E D -  
 c Y \* D R K K \* T G \* L I E \* E K E Q K T -  
  
 CAGTGGCAATGAGGGTGACGGGATCAGGAAGAATTATCGGATTTATGGAGATGGGCA 5640  
 5581 -----+-----+-----+-----+-----+  
 GTCACCGTTACTCCCCTACTGCCCTAGTCCTCTTAATAGCCGAAATACCTCTACCCGT  
 a Q W Q \* G \* R G S G R I I G I Y G D G A -  
 b S G N E G D G D Q E E L S A F M E M G H -  
 c V A M R V T G I R K N Y R H L W R W G T -  
  
 CCATGCTCTTGGGATGTTGATGATCAGTAGTAGTGCTGTAGGAAACTTGTGGGTACAGTCT 5700  
 5641 -----+-----+-----+-----+-----+  
 GGTACGAGGAACCTACAACACTAGTCATCACGACATCCTTGAACACCCAGTGTCAAGA  
 a P C S L G C \* \* S V V L \* E T C G S Q S -  
 b H A P W D V D D Q \* C C R K L V G H S L -  
 c M L L G M L M I S S A V G N L W V T V Y -  
  
 ATTATGGGTACCTGTATGGAAAGGGCAACCACCACTTATTTGTGCATCAGATGCTA 5760  
 5701 -----+-----+-----+-----+-----+  
 TAATACCCCCATGGACATACCTTCCCCGTTGGTGGAAATAACACGTAGTCTACGAT  
 a I M G Y L Y G K G Q P P L Y F V H Q M L -  
 b L W G T C M E R G N H H F I L C I R C \* -  
 c Y G V P V W K G A T T T L F C A S D A K -  
  
 AAGCATATGATAACAGAGGTACATAATGTTGGCTACACATGCCGTGTACCCGAGACC 5820  
 5761 -----+-----+-----+-----+-----+  
 TTCTGTATACTATGTCTCCATGTATTACAAACCCGATGTGTACGGACACATGGCGTCTGG  
 a K H M I Q R Y I M F G L H M P V Y P Q T -  
 b S I \* Y R G T \* C L G Y T C L C T R R P -  
 c A Y D T E V H N V W A T H A C V P A D P -

**Fig. 8/k**

Fig. 8/l

TGGTATCAACTCAACTACTGTTAAATGGTAGCCTAGCAGAAGGAGAAAATAATTAGAT  
 6361 ACCATAGTTGAGTTGATGACAATTACCATCGGATCGTCTTCCTCTTATTATAATCTA  
 a W Y Q L N Y C \* M V A \* Q K E K \* \* L D -  
 b G I N S T T V K W \* P S R R R N N N \* I -  
 c V S T Q L L L N G S L A E G E I I I R S -  
  
 CTGAAAATCTGACAAACAATGTCAAAACAATAATAGTACATCTTAATCAATCTGTAGAAA  
 6421 GACTTTAGACTGTTGTTACAGTTGTTATTATCATGTAGAATTAGTTAGACATCTT  
 a L K I \* Q T M S K Q \* \* Y I L I N L \* K -  
 b \* K S D K Q C Q N N N S T S \* S I C R N -  
 c E N L T N N V K T I I V H L N Q S V E I -  
  
 TTGTATGTACAAGACCCGGAATAATACAAGAAAAGTATAAGGATAGGACCAGGACAAA  
 6481 AACATACATGTTCTGGGCCGTTATTATGTTCTTTCATATTCTATCCTGGTCTGTT  
 a L Y V Q D P A I I Q E K V \* G \* D Q D K -  
 b C M Y K T R Q \* Y K K K Y K D R T R T N -  
 c V C T R P G N N T R K S I R I G P G Q T -  
  
 CATTCTATGCAACAGGAGACATAATAGGAGACATAAGACACATTGTAACATTAGTG  
 6541 GTAAAGATAACGTTGTCCTCTGTATTATCCTCTGTATTCTGTTGTAACTTGTAAATCAC  
 a H S M Q Q E T \* \* E T \* D K H I V T L V -  
 b I L C N R R H N R R H K T S T L \* H \* \* -  
 c F Y A T G D I I G D I R Q A H C N I S E -  
  
 AAGATAAAATGGAATGAAACTTACAAAGGGTAAGTAAAAAATTAGCAGAACACTTCCAGA  
 6601 TTCTATTTACCTTACTTTGAAATGTTCCCATTCACTTTTAATCGTCTGTGAAGGTCT  
 a K I N G M K L Y K G \* V K N \* Q N T S R -  
 b R \* M E \* N F T K G K \* K I S R T L P E -  
 c D K W N E T L Q R V S K K L A E H F Q N -  
  
 ATAAAACAATAAAATTGCATCATCCTCAGGAGGGACCTAGAAGTTACAACACATAGCT  
 6661 TATTTTGTATTAAACGTTAGGAGTCCTCCCTGGATCTCAATGTTGTATCGA  
 a I K Q \* N L H H P Q E G T \* K L Q H I A -  
 b \* N N K I C I I L R R G P R S Y N T \* L -  
 c K T I K F A S S S G G D L E V T T H S F -  
  
 TTAATTGTAGAGGAGAATTTCATTTGTAATACATCAGGCTGTTAATGGTGCATACA  
 6721 AATTAAACATCTCCTCTAAAGATAACATTATGTTAGTCCGGACAAATTACACGTATGT  
 a L I V E E N F S I V I H Q A C L M V H T -  
 b \* L \* R R I F L L \* Y I R P V \* W C I H -  
 c N C R G E F F Y C N T S G L F N G A Y T -  
  
 CGCTTAATGGTACAAAAGTAATTCAAGCTCAATCATCACAATCCCAGTCAGAACAAAGC  
 6781 GCGGATTACCATGTTTCTATTAAAGTTAGTCGAGTTAGTAGTGTAGGGTACGTCTTATTTCG  
 a R L M V Q K V I Q A Q S S Q S H A E \* S -  
 b A \* W Y K K \* F K L N H H N P M Q N K A -  
 c P N G T K S N S S S I I T I P C R I K Q -  
  
 AAATTATAAAATATGGCAGGAGGTAGGACGAGCAATGTATGCCCTCCATAAAAGGAA  
 6841 TTTAATATTTATACACCGTCTCCATCCTGCTCGTTACATACGGGGAGGGTATTTCCTT  
 a K L \* I C G R R \* D E Q C M P L P \* K E -  
 b N Y K Y V A G G R T S N V C P S H K R K -  
 c I I N M W Q E V G R A M Y A P P I K G N -  
  
 ACATAACATGTAATCAAATATCACAGGACTACTATTGGTACGTGATGGAGGAACAGAGC  
 6901 TGTATTGTACATTAGTTATAGTGTCTGATGATAACCATGCACTACCTCCTGTCTCG  
 a T \* H V N Q I S Q D Y Y W Y V M E E Q S -  
 b H N M \* I K Y H R T T I G T \* W R N R A -  
 c I T C K S N I T G L L L V R D G G T E P -

24/27

Fig. 8/m

Fig. 8/n

CATGGACAGTGGAAAAATCTATGGAGTTGGTTGACATAACAAATTGGCTGTGGTATA  
 7561 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 GTAACTGTCAACCTTTAGATAACCTAACCAAAACTGTATTGTTAACCGACACCATAT  
 H W T V G K I Y G V G L T \* Q I G C G I -  
 I G Q L E K S M E L V \* H N K L A V V Y -  
 L D S W K N L W S W F D I T N W L W Y I -  
 7620  
 TAAAAAATATTCTATAATAATAGTAGGAGGCTTGATAGGTTAAGAATAATTTTGCTGTGC  
 7621 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 ATTTTATAAGTATTATTATCATCCTCCGAACATATCCAATTCTTAAACGACACG  
 \* K Y S \* \* \* E A \* \* V \* E \* F L L C -  
 K N I H N N S R R L D R F K N N F C C A -  
 K I F I I I V G G L I G L R I I F A V L -  
 7680  
 TCTCTATAGTAAATAGAGTTAGGCAGGGATACTCACCTTGTGCTTCAGACCCTAACCC  
 7681 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 AGAGATATCATTATCTCAATCGTCCCTATGAGTGGAAACAGCAAAGTCTGGAAATGGG  
 S L \* \* I E L G R D T H L C R F R P L P -  
 L Y S K \* S \* A G I L T F V V S D P Y P -  
 S I V N R V R Q G Y S P L S F Q T L T P -  
 7740  
 CGAACCCAGGGGGACCCGACAGGCTCGGAAGAATCGAAGAAGAAGGTGGAAAGCAAGACA  
 7741 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 GCTGGGTCCCCCTGGGCTGTCCAGCCTTCTAGCTTCTTCCACCTTCGTTCTGT  
 R T Q G D P T G S E E S K K K V E S K T -  
 E P R G T R Q A R K N R R R R R W K A R Q -  
 N P G G P D R L G R I E E E G G K Q D R -  
 7800  
 GGGACAGATCCATTGATTAGTGAACGGATTCTAGCGCTTGCCTGGACGACTCGGAA  
 7801 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CCCTGTCTAGGTAAAGCTAATCACTTGCCTAAGAATCGCGAACGGACCCCTGCTGGACGCCT  
 G T D P F D \* \* T D S \* R L P G T T C G -  
 G Q I H S I S E R I L S A C L G R P A E -  
 D R S I R L V N G F L A L A W D D L R N -  
 7860  
 ACCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGATTGAGGGACTTCACATTAGTGGCAGCGAGGGTGG  
 7861 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TGGACACGGAGAAGTCGATGGTGGCTAACCTCCCTGAAGTGTAAATCACCGTCGCTCCCACC  
 T C A S S A T T D \* G T S H \* W Q R G W -  
 P V P L Q L P P I E G L H I S G S E G G -  
 L C L F S Y H R L R D F T L V A A R V V -  
 7920  
 TGGAACCTCTGGGACGCAATAGTCTCAGGGACTACAGAGAGGGTGGAAAGCCCTTAAAT  
 7921 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 ACCTGAAGACCCCTGCGTATCAGAGTCCCTGATGTCTCTCCCACCCCTGGAAATTAA  
 W N F W D A I V S G D Y R E G G K P L N -  
 G T S G T Q \* S Q G T T E R V G S P \* I -  
 E L L G R N S L R G L Q R G W E A L K Y -  
 7980  
 ATCTGGGAAGTCTTGTGCAGTACTGGGTCAAGAGCTAAAAAGAGTACTATTAGTCTGG  
 7981 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 TAGACCCCTCAGAACACGTCACTGACCCAGTCCTCGATTCTCATGATAATCAGACC  
 I W E V L C S T G V R S \* K R V L L V W -  
 S G K S C A V L G S G A K K E Y Y \* S G -  
 L G S L V Q Y W G Q E L K K S T I S L V -  
 8040  
 TTGATACCATAGCAATAGCAGTAGCTGAAGGAACAGATAGGATTATAGAATTAGTACAAG  
 8041 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 AACTATGGTATCGTTATCGTCATCGACTCCTGTCTATCTTAATATCTTAATCATGTT  
 L I P \* Q \* Q \* L K E Q I G L \* N \* Y K -  
 \* Y H S N S S S \* R N R \* D Y R I S T R -  
 D T I A I A V A E G T D R I I E L V Q G -  
 8100  
 GACTTTGTAGAGCTATCTACAGCATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTGAAGCAGCTT  
 8101 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 CTGAAACATCTCGATAGATGTCGTATGGATCTCTTATTCTGTCCCGAAACTTCGTCGAA  
 D F V E L S T A Y L E E \* D R A L K Q L -  
 T L \* S Y L Q H T \* K N K T G L \* S S F -  
 L C R A I Y S I P R R I R Q G F E A A L -

**Fig. 8/o**

**Fig. 8/p**

CTACATCCGAGTTTACAAAGACTGCTGACACAGAAGGGACTTCGGGGGGACTTTCC 8761 8820  
 GATGTAGGCCTCAAAATGTTCTGACGACTGTGTCTCCCTGAAAGGCGCCCTGAAAGG  
 L H P E F Y K D C \* H R R D F P R G L S -  
 a b c Y I R S F T K T A D T E G T F R G D F P -  
 T S G V L Q R L L T Q K G L S A G T F H -  
 ACTGGGGCGTTCTAGGAGGTGTGGCTGGCGGGACTGGGAGTGGTCAACCTCAAATGCT 8821 8880  
 TGACCCCCGCAAGATCCTCCACACCAGACCGCCCTGACCCCTCACCAAGTGGGAGTTACGA  
 T G A F \* E V W S G G T G S G Q P S N A -  
 a b c L G R S R R C G L A G L G V V N P Q M L -  
 W G V L G G V V W R D W E W S T L K C C -  
 GCATATAAGCAGCTGCTTTCGCTGTACTGGGTCTCTAGTCAGACCAAGATCTGAGCC 8881 8940  
 CGTATATTCTCGACGAAAAGCGGACATGACCCAGAGAGATCAGTCTGGTCTAGACTCGG  
 A Y K Q L L F A C T G S L \* S D Q I \* A -  
 a b c H I S S C F S P V L G L S S Q T R S E P -  
 I \* A A A F R L Y W V S L V R P D L S L -  
 TGGGAGCTCTGGCTAACTAGGAACCCACTGCTTAAGCCTCAATAAGCTTGCTTGA 8941 9000  
 ACCCTCGAGAGACCGATTGATCCCTGGGTGACGAAATTGGAGTTATTCGAACGGAACCT  
 W E L S G \* L G N P L L K P Q \* S L P \* -  
 a b c G S S L A N \* G T H C L S L N K A C L E -  
 G A L W L T R E P T A \* A S I K L A L R -  
 GGGCTAGAGCGGGGCCACCGCGGTGGAGCTCCAGCTTTGTTCCCTTAGTGAGGGTT 9001 9060  
 CCCCAGATCTCGCCGGCGGTGGCGCCACCTCGAGGTGAAACAAAGGAAATCACTCCAA  
 G A R A A A T A V E L Q L L F P L V R V -  
 a b c G L E R P P P R W S S S F C S L \* \* G L -  
 G \* S G R H R G G A P A F V P F S E G \* -  
 AATTGCGCGCTGGCGATC 9061 9078  
 TTAACCGCGACCGCTAG  
 a b c N C A L A I -  
 I A R W R -  
 L R A G D -

## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; Geneart GmbH

5

<120> Das Genom des HIV-1 Intersubtyps (C/B') und seine  
Anwendungen

&lt;130&gt; WAG-001 PCT

10

&lt;140&gt; xx

&lt;141&gt; 2000-11-16

&lt;150&gt; DE 199 55 089.1

15 &lt;151&gt; 1999-11-16

&lt;160&gt; 3

&lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

20

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 9078

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Human immunodeficiency virus

25

&lt;400&gt; 1

aatctctagc agtggcgccc gaacagggac ttgaaagcga aagtaagacc agaggagatc 60  
tctcgacgca ggactcggct tgctgaagtg cactcgccaa gaggcgagag cgccgactgg 120  
tgagtacgcc aattatattt gactagcgga ggctagaagg agagagatgg gtgcgagagc 180  
gtcaatatta agaggggaa aattagataa atggaaaaaa attagttaa gcccaggggg 240  
aaagaaaacac tatatgctaa aacacctagt atggcaagc agggagctgg aaagatttgc 300  
acttaaccct ggccttttag agacatcaga aggctgtaaa caaataatga aacagctaca 360  
atcagctctt cagacaggaa cagaggaact tagatcatta ttcaacacag tagcaactcc 420  
ctattgtgtcatacagaga tagatgtacg agacaccaga gaagccttag acaagataga 480  
ggaagaacaa aacaaaattc agcaaaaaac acgcaggca aaggaggctg acgggaaggt 540  
cagtcaaaat ttccttatag tacagaatct ccaagggcaa atggcacatc agcccatatc 600  
acctagaact tttaatgcatttggtaaaagt ggtagaagag aaggcttttgcggagaagt 660  
aatacccatg tttcagcgt ttcagaagg agccacccca caagattaa acaccatgct 720  
aaacacagtg gggggacatc aagcagctat gcaaataatc aaagatacca tcaatgaaga 780  
ggctgcagaa tggatagat tacatccagt acatgcaggg cctattgcac caggccaaat 840  
gagagaacca aggggaagtg acatgcagg aactactagt aacctacagg aacaaatagc 900  
atggatgacg agtaacccac ctgttccagt aggagacatc tataaaagat ggataattct 960  
gggattaaat aaaatagtaa gaatgtatag ccctaccaggc attctggaca taaaacaagg 1020

gccaaaggaa cccttagag actatgtaga ccggttttt aaaacttaa gagcggaca 1080  
agctacgcaa ggtgtaaaa attggatgac agacaccttgc ttggtccaaa atgcgaaccc 1140  
agattgtaa accatttaa gaggattttt accaggggct tcaatagaag aaatgtatgac 1200  
agcatgtcag ggagtggag gacctagcca taaagcaaaa gtgttgccg aggcaatgag 1260  
5 ccaaacaac acgtccatac tgatgcagag aagcaatttt aaaggctcta aaagaattgt 1320  
taaatgtttc aactgtggca aggaaggca catagccaga aattgcaggg cccctaggaa 1380  
aaaggctgt tggaaatgtg gaaaagaagg acaccaaattt aaagattgtt ctgagagaca 1440  
ggccaatttt ttagggaaaa tctggccctc ccacaaggaa gggccaggaa atttcttca 1500  
gaacagacca gagccaaacag cccccaccaga ggagagcttc aggtttgggg aagagacaac 1560  
10 aactccatct cagaaggcagg agccaaataga caaggaacta tatccttaa cttccctcaa 1620  
atcaactctt ggcaacgacc cctcgtcaca ataaagatag gggggcaattt aaaggaagct 1680  
ctattagata caggagcagg tgatacagta tttagaagacc tgaatttgcc agggaaatgg 1740  
aaaccaaaaa tgataggggg aattggaggt tttatcaaag taagacagta tgaacagata 1800  
cccatagaaa tttgcggaca caaagctata ggtacagtat tagtaggacc tacacctgtc 1860  
15 aacataattt gaagaaatct gttgactcag cttgggttgc ctttaaattt tccaaatcagt 1920  
cccattgaaa ctgtaccagt aaaattaaag ccaggaatgg atggcccaaa gttttaacaa 1980  
tggccattga cagaagagaa aataaaagca ttaacagcaa tttgtatga aatggagaaa 2040  
gaaggaaaaat ttacaaaaat tgggcctgaa aatccatata acactccat atttgccata 2100  
aaaaagaagg acagtactaa gtggagaaaat tttagtagatt tcagggact caataaaaga 2160  
20 actcaagattttt tttgggaagt tcaatttagga ataccacacc cagcagggtt aaaaaagaaaa 2220  
aaatcagtga cagtactgga tgtggggat gcatattttt caattcctt atatgaagac 2280  
ttcaggaagt atactgcatt caccatacct agtagaaaca atgaaacacc agggatttagg 2340  
tatcagtaca atgtacttcc acaggatgg aaaggatcac tagcaatatt ccaaagtgc 2400  
atgacaaaaaa ccttagagcc ttttagaaaa caaaatccag gcatagttat ctatcaatac 2460  
25 atggatgatt tttatgttggg atctgactta gagatagggc agcatagaac aaaaatagag 2520  
gaactgagac aacattttttt gaggtggggat ttaccacac cagacaagaa acattagaaa 2580  
gaacctccat ttctttggat ggggtatgaa ctccatcctg acaaatggac agtacagcct 2640  
acacagctgc cagaaaaaga tagctggact gtcaatgata tacaaaagtt agtggaaaa 2700  
ttaaactggg caagtcagat ttatcctgga attaaagtaa ggcaactttt taaactcctt 2760  
30 agggggccca aagcactaac agacatagta ccactaactg aagaagcaga attagaattt 2820  
gcagaaaaaca gggaaattct aaaagaacca gtacatggag tatactatga cccatcaaaa 2880  
gacttgatag ctgaaataca gaaacagggg caggaacaat ggacatatca aatttacca 2940  
gaaccattca aaaatctaaa aacaggaaag tatgcaaaaa tgaggactgc ccacactaat 3000  
gatgtaaaac aattaacaga ggctgtgcag aaaatagcca tggaaggcat agtaatatgg 3060  
35 ggaaaaactc ctaaattttttag attaccatc caaaaagaaaa catgggagac atgggtggaca 3120  
gacttggc aagccacctg gattcctgag tggaaatttgc ttaatcccc tcccttagta 3180  
aaattatggt accagctgga aaaagatccc atagtaggag tagaaaactttt ctatgtatgat 3240  
ggagcagcta atagggagac taaaatagga aaagcagggtt atgttactga cagaggaagg 3300  
aagaaaaatttgc tttctctaac tgaaacaaca aatcagaaga ctgaatttgc agcaatttgt 3360  
40 atagctttgc aagattcagg atcagaagta aacatagtaa cagattcaca gtatgcatta 3420  
gggatcatc aagcacaacc agataagagt gaatcagagt tagttaacca aataatagaa 3480  
caattaatga aaaaggaaag agtctacctg tcatgggtac cagcacataa aggaatttgg 3540  
ggaaatgaac aagttagataa attagtaatgtt agtggatca ggaaagtgc atttcttagat 3600

ggaatagata aagctcaaga agagcatgaa aagtatcaca gcaattggag agcaatggct 3660  
agtgacttta atctgccacc catagttagca aaagaaaatag tggctagctg tgatcaatgt 3720  
cagctaaaag gagaagccat gcatggacaa gtagactgta gtccaggat atggcaatta 3780  
gattgtacac atttagaagg aaaaatcatc ctggtagcag tccatgtgc cagtggctac 3840  
5 atggaagcag aggttatccc agcagaaaaca ggacaagaga cagcatactt tatactaaaa 3900  
tttagcaggaa gatggccagt caaagtaata catacagata atggtagtaa tttcaccagt 3960  
actgcagtttta aggccgcctg ttgggtggca ggtatccaac aggaatttg aattccctac 4020  
agtccccaaa gtcagggagt agtagaagcc atgaataaag aattaaagaa aattataggg 4080  
caggttaagag atcaagctga gcacctaag acagcagttac taatggcagt attcattcac 4140  
10 aattttaaaa gaaaaggggg gattgggggg tacagtgcag gggaaagaat aatagatata 4200  
atagcaacag acatacaaac taaagaatta caaaaacaga ttacaaaaat tcaaaaatttt 4260  
cggttttattt acagagacag cagagacccc agtggaaag gaccagccaa actactctgg 4320  
aaaggtgaag gggcagtaat aatacaagat aatagtgaca taaaggtgt accaaggagg 4380  
aaagcaaaaa tcattaagga ctatggaaaa cagatggcag gtgctgattt tggtggcaggt 4440  
15 agacaggatg aagatttagaa catggaatag ttttagaaaa caccatatgt atgtttcaag 4500  
gagagctaat ggatggtttt acagacatca ttatgacagc agacatccaa aagtaagtcc 4560  
agaagtacac atcccattttt gaaaggctaa attagtaata aaaacatatt gggggttgca 4620  
gacaggagaa agagatcgcc atttgggtca tggagtctcc atagaatgga gattgagaag 4680  
atataccaca caaatagaac ctggcctggc agaccagctt attcatttgtt attatttga 4740  
20 ttgttttgcgactctgata taaggaaagc catatttagga cacatgttta ttccttaggtg 4800  
tgactatcaa gcaggacata ataataaggtt aggtctcta caatacttgg cactgacagc 4860  
attgataaaaa ccaaaaaaga taaagccacc tctgcctagt atcaagaaat tagtagagga 4920  
tagatggAAC aatccccagg agatcagggg ccgcagaggg aaccacacaa tgaatggaca 4980  
ctagagcttc tagaggagctt caagcagggaa gctgttagac actttcttag accatggctt 5040  
25 catacgcttag gacaacatataat ctatggaaaca tatggggata cttggcagg agtggaaagcc 5100  
ataataagaa ttctgcaaca actgctgtttt attcatttca gaattgggtg tcagcatagc 5160  
agaataggca tttttagaca gagaagaaca agaaatggag ccagtaatc ataaattaga 5220  
gccttggag catccaggaa gtcagcctaa gactgcttgtt aacagttgtt attgtaaaaa 5280  
gtgctgctttt cattgccaag tttgtttcac gaaaaaaggc ttaggcattt tctatggcag 5340  
30 gaagaagcga agacagcgac gaagcgctca tcgaagcagt gaggatcatc aaaatccat 5400  
atcaaagcag taagtagtaa atgtaatgca agcttaacc atttttagcaa tagtagcctt 5460  
agtagtagca acaataatag caatagttgtt gtggaccata gtattcatag aatataaggaa 5520  
aatattaaga cagaaaaaaaaa tagacaggtt aattgtataga ataagagaaa gagcagaaga 5580  
cagttggcaat gaggggtgacg gggatcagga agaattatcg gcatttatgg agatggggca 5640  
35 ccatgctcct tggatgttg atgatcgatgta gtgctgttagg aaacttgcgg gtcacagtct 5700  
attatgggtt acctgtatgg aaagggccaa ccaccactttt attttgtca tcagatgcta 5760  
aagcatatga tacagaggtt cataatgtttt gggctacaca tgcctgtgtt cccgcagacc 5820  
ccaacccaca agaaatggttt ttggaaaatg taacagaaaaa ttttaacatg tggaaaatg 5880  
aaatggtaaa tcagatgcag gaagatgtaa tcagtttatgg ggtcaaaagc ctaaaaccat 5940  
40 gtgtttttttt gacccactc tgtgtcactt tagaatgttag aaatgttagc agtaatagta 6000  
atgataccta ccatgagacc taccatgaga gcatgaagga aatgaaaaat tgcttttca 6060  
atgcaaccac agtagtaaga gataggaagc agacagtgtt tgcactttt tatagacttg 6120  
atatagtacc acttactaag aagaactata gtgagaattc tagtgagtat tatagattaa 6180

taaattgtaa tacctcagcc ataacacaag cctgtccaaa ggtcaacttt gatccaattc 6240  
ctatacacta ttgcactcca gctggttatg caattctaaa gtgtaatgtat aagatattca 6300  
atggcacagg accatgccat aatgttagca cagtacaatg tacacatggg attaagccag 6360  
tggtatcaac tcaactactg taaaatggta gcctagcaga aggagaaata ataattagat 6420  
5 ctgaaaatct gacaacaat gtcaaaacaa taatagtaca tcttaatcaa tctgtagaaa 6480  
ttgtatgtac aagacccggc aataatacaa gaaaaagtat aaggatagga ccaggacaaa 6540  
cattctatgc aacaggagac ataataaggag acataagaca agcacattgt aacattagt 6600  
aagataaaatg gaatgaaact ttacaaaggg taagtaaaaa attagcagaa cacttccaga 6660  
ataaaaacaat aaaatttgca tcatcctcag gaggggacct agaagttaca acacatagct 6720  
10 ttaattgtag aggagaattt ttcttattgtat atacatcagg cctgttaat ggtgcataca 6780  
cgccataatgg tacaaaaagt aattcaagct caatcatcac aatcccattgc agaataaaagc 6840  
aaattataaa tatgtggcag gaggtaggac gagcaatgtat tgcccttccc ataaaaggaa 6900  
acataacatg taaatcaaata atcacaggac tactatttgtt acgtgatgga ggaacagagc 6960  
caaatgatac agagacattc agacctggag gaggagatat gaggaacaat tggagaagt 7020  
15 aattatataa atataaaatgt gtagaaatta agccattggg agtagcaccc actacaacaa 7080  
aaaggagagt ggtggagaga gaaaaaagag cagtggaaat aggagctgtt ttccttgggt 7140  
tcttaggagt agcaggaagc actatggcg cgccgtcaat aacgctgacg gtacaggcca 7200  
gacaattgct gtctggata gtgcaacagc aaagcaattt gctgagggtt atagaagcgc 7260  
aacagcatct gttgcaactc acggcttggg gcattaagca gctccagaca agagtccctgg 7320  
20 ctatagaaag atacctaag gatcaacagc tcctaggat ttggggctgc tctggaaaac 7380  
tcatctgcac tactgctgtat ccttggaaact ccagttggag taacaaatct caaaaagaga 7440  
tttggataa catgacctgg atgcaatggg ataaagaaat tagtaattac acaaacacag 7500  
tatacagggtt gcttgaagaa tcgaaaaacc agcaggaaag gaatgaaaaa gatctattag 7560  
cattggacag ttggaaaaat ctatggagtt ggtttgacat aacaaattgg ctgtggata 7620  
25 taaaaatatt cataataata gtaggggct ttaggtttt aagaataatt tttgctgtgc 7680  
tctctatagt aaatagagtt aggcaggat actcacctt gtcgtttcag acccttaccc 7740  
cgaacccagg gggacccgac aggctcgaa gaatcgaaga agaagggttga aagcaagaca 7800  
gggacagatc cattcgatta gtgaaacggat tcttagcgct tgcctggac gacctgccc 7860  
acctgtgcct cttcagctac caccgattga gggacttcac attagtggca gcgagggtgg 7920  
30 tggaaacttct gggacgcaat agtctcaggg gactacagag aggggtggaa gcccttaat 7980  
atctgggaag tcttgcag tactgggtc aggagctaa aaagagtttattagttctgg 8040  
ttgataaccat agcaatagca gtagctgaag gaacagatag gattatagaa ttgtataag 8100  
gactttgttag agctatctac agcataccta gaagaataag acagggtttt gaagcagctt 8160  
tgcaataaaa tggggggcaa gtggtcgaaa agtagcatag ttggatggcc tgctataagg 8220  
35 gagagaatga gaagaactga gccagcagca gatgggggtgg gagcagtatc tcgagacctg 8280  
gaaaaacatg gagcaatcac gagtagcaat acagcagcta ctaatgagga ttgtgcctgg 8340  
ctgaaagcac aagaggaggg ggaggtgggt ttccagtc gacccatgtt acctttaaga 8400  
ccaatgactt acaagggagc tgttagatctt agcttcttt taaaagaaaa ggggggactg 8460  
gaagggttaa ttactctaa gaaaaggcaa gagatccttg atttgggtt ctatcacaca 8520  
40 caaggctact tccctgattt gcacaactac acaccaggac caggggtcag attccactg 8580  
actttgggt ggtgcctcaa gctgtacca gttgacccaa gggaaatgtat agaggccaa 8640  
gagggagaag acaactgctt gctacaccct gtgtgccagc atgaaatgga ggtatgtac 8700  
agagaagtat taaagtggaa gtttgacagt caactagcac acagacacag ggccccggaa 8760

ctacatccgg agtttacaa agactgctga cacagaaggg actttccgcg gggactttcc 8820  
actggggcgt tctaggaggt gtggtctggc gggactggga gtggtaacc ctc当地atgct 8880  
gcatataagc agctgcttt cgcctgtact gggctctct agtcagacca gatctgagcc 8940  
tgggagctct ctggctaact agggAACCCCA ctgcttaagc ctcaataaaag cttgccttga 9000  
5 ggggctagag cggccgccac cgccgtggag ctccagctt tgcccctt agtgagggtt 9060  
aattgcgcgc tggcgatc 9078

<210> 2  
10 <211> 4288  
<212> DNA  
<213> Human immunodeficiency virus  
  
<400> 2  
15 gctaggtaacc taatgggcgc cagggccagc atcctgaggg gcggcaagct ggacaagtgg 60  
gagaagatca ggctgaggcc cggcggcaag aagcactaca tgctgaagca cctggtgtgg 120  
gccagcagg agctggagag gttcgcctg aaccccgcc tgctggagac cagcggggc 180  
tgcaagcaga tcatgaagca gctgcagagc gccctgcaga ccggcaccga ggagctgagg 240  
agcctgttca acaccgtggc cacccttac tgcgtgcaca ccgagatcga cgtgaggac 300  
20 accaggaggcc cctggacaa gatcgaggag gagcagaaca agatccagca gaagacccag 360  
caggccaagg aggccgacgg caaggtgagc cagaactacc ccattgtgcga aacactgcag 420  
ggccagatgg tgcaccagcc catcagcccc aggaccctga atgcattgggt gaagggtgg 480  
gaggagaagg ctttcagccc cgaggtgatc cccatgttca gcgcctgag cgagggcgcc 540  
accccccagg acctgaacac catgtgaac accgtggcg gccaccaggc cgccatgcag 600  
25 atcctgaagg acaccatcaa cgaggaggcc gccgagtggg acaggctgca cccctgtcac 660  
gccggcccca tcgccccccgg ccagatgagg gagcccagg gcagcgacat cgccggcacc 720  
accagcaacc tgcaggagca gatcgctgg atgaccagca accccccgt gcccgtggc 780  
gacatctaca agaggtggat catcctgggt taaaacaaga tcgtgaggat gtacagcccc 840  
accagcatcc tggacatcaa gcagggcccc aaggagccct tcagggacta cgtcgacagg 900  
30 ttcttcaaga ccctgagggc ggagcaggcc acccaggcg tgaagaactg gatgaccgac 960  
accctgctgg tgcagaacgc caaccccgac tgcaagacca tcctgagggc cctggggccc 1020  
ggcgccagca tcgaggagat gatgaccgac tgccaggcg tggggggccc cagccacaag 1080  
gccaagggtgc tggccgaggc catgagccag accaacagcg ccattctgat gcagaggagc 1140  
aacttcaagg gcagcaagag gatcgtgaag tgcttcaact gcccgaagga gggccacatc 1200  
35 gccaggaact gcagggcccc caggaagaag ggctgctgga agtgcggcaa ggagggccac 1260  
cagatgaagg actgcaccga gaggcaggcc aacttccctgg gcaagatctg gcccaggccac 1320  
aaggggcgcc cggcaactt cctgcagaac aggcccggc ccaccggccc ccccgaggag 1380  
agcttcaggt tcgaggagga gaccaccacc cccagccaga agcaggagcc catgacacaag 1440  
gagctgtacc ccctgaccag cctgaagagc ctgttcggca acgaccaggc cagccaggaa 1500  
40 ttcttcaggg agaacctggc cctgccccag ggcaaggccca gggagttcag cagcgaccc 1560  
accaggggcca acagccccac cagggcgag ctgcagggtt gggcaggga caacaacagc 1620  
atcagcgagg cggcgccaa caggcaggcc accatcagct tcaacttccc ccagatcacc 1680  
ctgtggcaga gggccctgggt gaccatcaag atcggcgcc agctgaagga gcccctgctg 1740

aacaccggcg ccggcgacac cgtgctggag gacctgaacc tgcccgcaaa gtggaagccc 1800  
aagatgatcg gcggcatcg cggttcatc aaggtgaggc agtacgagca gatccccatc 1860  
gagatctgcg gccacaaggc catcgccacc gtgctggtgg gccccacccc cgtgaacatc 1920  
atcggcagga acctgctgac ccagctggc tgcaccctga acttccccat cagccccatc 1980  
5 gagaccgtgc ccgtgaagct gaagcccgcc atggacggcc ccaaggtgaa gcagtggccc 2040  
ctgaccgagg agaagatcaa ggccctgacc gccatctgcg acgagatgga gaaggaggc 2100  
aagatcacca agatcggccc cgagaacccc tacaacaccc ccatcttcgc catcaagaag 2160  
aaggacagca ccaagtggag gaagctggtg gacttcaggg agctgaacaa gaggacccag 2220  
gacttctggg aggtgcagct gggcatcccc caccccgccg gcctgaagaa gaagaagagc 2280  
10 gtgaccgtgc tggacgtggg cgacgcctac ttcagcatcc ccctgtacga ggacttcagg 2340  
aagtacaccg cttcaccat ccccgccagg aacaacgaga ccccccgcat cagctaccag 2400  
tacaacgtgc tgccccaggg ctggaaaggc accctggcca tcttccagag cagcatgacc 2460  
atcgaggagg tcatctacag caagaagagg caggagatcc tggacctgtg ggtgtaccac 2520  
acccagggct acttccccga ctggcacaac tacacccccc gccccggcgt gaggttcccc 2580  
15 ctgaccttcg gctggtgctt caagctggtg cccgtggacc ccagggaggt ggaggaggcc 2640  
aacgaggcg aggacaactg cctgctgcac cccgtgtgcc agcacggcat ggaggacgac 2700  
cacagggagg tgctgaagtg gaagttcgac acccagctgg cccacaggca cagggccagg 2760  
gagctgcacc ccgagttcta caaggactgc atgggcggca agtggagcaa gagcagcatc 2820  
gtgggctggc cccatcag ggagaggatg aggaggaccg accccggccgc cgacggcgtg 2880  
20 ggcgccgtga gcagggacct ggagaagcac ggcgcctca ccagcagcaa caccggcc 2940  
accaacgagg actgcgcctg gctggaggcc caggaggagg gcgaggtggg cttccccgtg 3000  
aggccccagg tgcccctgag gcccattgacc tacaagggcg cctggaccc gagcttcttc 3060  
ctgaaggaga agggcggcct ggagggcctg aggtagcacc tgctgaggtg gggcttcacc 3120  
accccccaca agaagcacca gaaggagccc cccttcctgt ggatgggcta cgagctgcac 3180  
25 cccgacaagt ggaccgtgca gcccacccag ctggccgaga aggacagctg gaccgtgaac 3240  
gacatccaga agctggtgaa caagctgaac tggccagcc agatctaccc cggcatcaag 3300  
gtgaggcagc tgtgcaagct gctgggggc gccaaggccc tgaccgacat cgtccccctg 3360  
accgaggagg ccgagctgga gctggccgag aacagggaga tcctgaagga gcccgtgcac 3420  
ggcgtgtact acgaccccaag caaggacctg atcgccgaga tccagaagca gggccaggag 3480  
30 cagtggaccc accagatcta ccaggagccc ttcaagaacc tgaagacccgg caagtacgcc 3540  
aagatgagga cggccacac caacgacgtg aagcagctga ccgaggccgt gcagaagatc 3600  
gccatggagg gcatcgat ctggggcaag acccccaagt tcaggctgcc catccagaag 3660  
gagacctggg agacctggtg gaccgactac tggcaggccaa cctggatccc cgagtggag 3720  
ttcgtgaaca cccctccccct ggtgaagctg tggtatcagc tggagaagga ccccatcgtg 3780  
35 ggcgtggaga ctttctacgt ggacggcgcc gccaacaggg agaccaagat cggcaaggcc 3840  
ggctacgtga cggacagggg caggaagaaatcgtgagcc tgaccgagac caccaaccag 3900  
aagaccgago tgcaggccat ctgcattgcctgcaggaca gcggcagcga ggtgaacatc 3960  
gtgaccgaca gccaatgcctggccatc atccaggccc agcccgacaa gagcggagac 4020  
gagctggtga accagatcat cgagcagctg atgaagaagg agagggtgta cctgagctgg 4080  
40 gtggccggcc acaagggcat cggcggcaac gaggcagggtgg acaagctggt gaggcaggcc 4140  
atcaggaagg tgctgaagac cctggaggccc ttcaaggccaa agaaccggccatcgtgatc 4200  
taccagtaca tggacgaccc tgcgtggc agcgacctgg agatcggcca gcacaggacc 4260  
aagttaaatcgtcaagc gctcaagc 4288

<210> 3  
<211> 2605  
5 <212> DNA  
<213> Human immunodeficiency virus

<400> 3  
gcggcggtta ccgaattcgc cgccagcatg gacagggccca agctgctgct gctgctgctg 60  
10 ctgctgctgc tgccccaggc ccaggccgtg ggcaacctgt gggtgaccgt gtactacggc 120  
gtgcccgtgt ggaagggcgc caccaccacc ctgttctgctg ccagcgacgc caaggcctac 180  
gacaccgagg tgcacaacgt gtggccacc cacgcctgctg tgcccgccga ccccaacccc 240  
caggagatgg tgctggagaa cgtgaccgag aacttcaaca tgtggaagaa cgagatggtg 300  
aaccagatgc aggaggacgt catcagcctg tgggaccaga gcctgaagcc ctgcgtgaag 360  
15 ctgacccccc tgtgcgtgac cctggagtgc aggaacgtga gcagcaacag caacgacacc 420  
taccacgaga cctaccacga gagcatgaag gagatgaaga actgcagctt caacgccacc 480  
accgtggta gggacaggaa gcagaccgtg tacgcctgt tctacaggct ggacatcg 540  
ccctgacca agaagaacta cagcgagaac agcagcgagt actacaggct gatcaactgc 600  
aacaccagcg ccatcaccca ggcctgcccc aaggtgaccc tcgaccccat ccccatccac 660  
20 tactgcaccc cgcgggcta cgccatcctg aagtgcacg acaagatctt caacggcacc 720  
ggccctgccc acaacgtgag caccgtgcag tgcacccacg gcatcaagcc cgtggtgagc 780  
acccagctgc tgctgaacgg cagcctggcc gaggcgaga tcatcatcg gagcgagaac 840  
ctgaccaaca acgtaaaaac catcatcgatg cacctgaacc agagcgtgga gatcggtgc 900  
accaggcccc gcaacaacac caggaagagc atcaggatcg gccccggca gaccttctac 960  
25 gccaccggcg acatcatcg cgcacatcagg caggccact gcaacatcg cgaggacaag 1020  
tggAACGAGA ccctgcagag ggtgagcaag aagcttgcgg agcacttcca gaacaagacc 1080  
atcaagttcg ccagcagcag cggcgccgac ctggaggtga ccacccacag cttcaactgc 1140  
agggcgagt tcttctactg caacaccaggc ggcctgttca acggcgctt caccggcaac 1200  
ggcaccaaga gcaacacgcag cagcatcatc accatcccc gcaggatcaa gcagatcatc 1260  
30 aacatgtggc aggagggtgg cagggccatg tacgccttc ccatcaaggg caacatcacc 1320  
tgcaagagca acatcacccgg cctgctgctg gtgagggacg gcccacccgac 1380  
accgagaccc tcaggccccgg cggcgccgac atgaggaaca actggaggag cgagctgtac 1440  
aagtacaagg tggtgagat caagccctg ggcgtggccc ccaccaccac caagaggagg 1500  
gtggtgaga gggagaagag ggcgtgggc atcggcgccg tttctggc cttctggc 1560  
35 gtggccggca gcaccatggg cggcgccagc atcaccctga ccgtgcaggc caggcagctg 1620  
ctgagcggca tcgtgcagca gcagagcaac ctgctgaggg ccatcgaggc ccagcagcac 1680  
ctgctgcagc tgaccgtgt gggcatcaag cagctgcaga ccagggtgt ggccatcgag 1740  
aggtacctga aggaccagca gctgctggc atctggggct gcagcgccaa gctgatctgc 1800  
accaccggcg tgcctggaa cagcagctgg agcaacaaga gccaaggaa gatctggac 1860  
40 aacatgaccc ggtgcagtg ggacaaggag atcagcaact acaccaacac cgtgtacagg 1920  
ctgctggagg agagccagaa ccagcaggag aggaacgaga aggacctgt ggccctggac 1980  
agctggaaga acctgtggag ctggttcgac atcaccact ggctgtggta catcaagatc 2040  
ttcatcatca tcgtggcgcc cctgatcgcc ctgaggatca tttcgccgt gctgagcatc 2100

gtgaacaggg tgagggcaggg ctacagcccc ctgagcttcc agaccctgac ccccaacccc 2160  
ggcgcccccg acaggctggg caggatcgag gaggagggcg gcaagcagga cagggacagg 2220  
agcatcaggc tggtaaacgg cttcctggcc ctggcctggg acgacctgag gaacctgtgc 2280  
ctgttcagct accacaggct gagggacttc accctggtgg ccgccagggt ggtggagctg 2340  
5 ctgggcagga acagcctgag gggcctgcag aggggctggg aggcctgaa gtacctggc 2400  
agcctggtgc agtactgggg ccaggagctg aagaagagca ccatcagcct ggtggacacc 2460  
atcgccatcg ccgtggccga gggcacccgac aggatcatcg agctggtgca gggcctgtgc 2520  
agggccatct acagcatccc caggaggatc aggaggcgt tcgaggccgc cctgcagtga 2580  
taaagatctc tcgaggagct caagc 2605